

# HIV1 GAG

## Sequences in the *Gag* Alignment

COMMON NAME	LOCUS	ACC #	FIRST AUTHOR	REFERENCE
<b>SUBTYPE A:</b>				
U455	HIVU455	M62320	Oram,J.D.	ARHR 6, 1073 (1990)
BZ126B	HIVBZ126B	L22083	Louwagie,J.J.	ARHR 10, 561 (1994)
IBNG	HIVIBNG	L39106	Howard,R.M.	ARHR 10: 1755 (1994)
VI59	HIVVI59	L11795	Louwagie,J.J.	AIDS 7, 769 (1993)
VI310	HIVVI310	L11786	Louwagie,J.J.	AIDS 7, 769 (1993)
VI57	HIVVI57	L11794	Louwagie,J.J.	AIDS 7, 769 (1993)
K112	HIVK112	L11768	Louwagie,J.J.	AIDS 7, 769 (1993)
K88	HIVK88	L11773	Louwagie,J.J.	AIDS 7, 769 (1993)
K29	HIVK29	L11770	Louwagie,J.J.	AIDS 7, 769 (1993)
K7	HIVK7	L11772	Louwagie,J.J.	AIDS 7, 769 (1993)
K98	HIVK98	L11775	Louwagie,J.J.	AIDS 7, 769 (1993)
K89	HIVK89	L11774	Louwagie,J.J.	AIDS 7, 769 (1993)
VI32	HIVVI32	L11788	Louwagie,J.J.	AIDS 7, 769 (1993)
VI415	HIVVI415	L11791	Louwagie,J.J.	AIDS 7, 769 (1993)
CI4	HIVCI4	L11757	Louwagie,J.J.	AIDS 7, 769 (1993)
LBV23	HIVLBV23	L11777	Louwagie,J.J.	AIDS 7, 769 (1993)
TN2431	HIVTN2431	L03702	McCutchan,F.E.	ARHR 8, 1887 (1992)
TN245	HIVTN245	L11762	Louwagie,J.J.	AIDS 7, 769 (1993)
TN240	HIVTN240	L11761	Louwagie,J.J.	AIDS 7, 769 (1993)
CI20	HIVCI20	L11755	Louwagie,J.J.	AIDS 7, 769 (1993)
CI59	HIVCI59	L11759	Louwagie,J.J.	AIDS 7, 769 (1993)
LBV2310	HIVLBV2310	L11779	Louwagie,J.J.	AIDS 7, 769 (1993)
CI51	HIVCI51	L11758	Louwagie,J.J.	AIDS 7, 769 (1993)
IC144	HIVIC144	L11767	Louwagie,J.J.	AIDS 7, 769 (1993)
DJ258	HIVDJ258	L11763	Louwagie,J.J.	AIDS 7, 769 (1993)
TN238	HIVTN238	L11760	Louwagie,J.J.	AIDS 7, 769 (1993)
UG266	HIVUG266	L11798	Louwagie,J.J.	AIDS 7, 769 (1993)
<b>SUBTYPE B:</b>				
SF2	HIVSF2	K02007	Sanchez-Pescador,R.	Science 227, 484 (1985)
BZ167	HIVBZ167	L11752	Louwagie,J.J.	AIDS 7, 769 (1993)
PH153	HIVPH153	L11781	Louwagie,J.J.	AIDS 7, 769 (1993)
PH136	HIVPH136	L11780	Louwagie,J.J.	AIDS 7, 769 (1993)
TB132	HIVTB132	L03697	McCutchan,F.E.	ARHR 8, 1887 (1992)
BZ190	HIVBZ190	L11753	Louwagie,J.J.	AIDS 7, 769 (1993)
LAI	HIVLAI	K02013	Wain-Hobson,S.	Cell 40, 9 (1985)
HXB2R	HIVHXB2R	K03455	Starcich,B.	Science 227, 538 (1985)
MN	HIVMN	M17449	Gurgo,C.	Virol. 164, 531 (1988)
JH31	HIVJH31	M21137	Komiyama,N.	ARHR 5, 411 (1989)
JRCSF	HIVJRCSF	M38429	Koyanagi,S.	Nature 348, 69 (1990)
JRFL	HIVJRFL	M74978	O'Brien,W.A.	Nature 348, 69 (1990)
OYI	HIVOYI	M26727	Wain-Hobson,S.	AIDS 3: 707 (1989)
NY5CG	HIVNY5CG	M38431	Theodore,T.	PNASU 83: 5038 (1986)
NL43	HIVNL43	M19921	Buckler,C.E.	JVI 59: 284 (1986)
CDC41	HIVCDC41	M13136	Desai,S.M.	PNAS 83, 8380 (1986)
HAN	HIVHAN	U43141	Sauermann,U.	ARHR 6, 813 (1990)
CAM1	HIVCAM1	D10112	McIntosh,A.	Unpublished (1991)
RF	HIVRF	M17451	Starcich,B.R.	Cell 45, 637 (1986)
D31	HIVD31	U43096	Dietrich,U.	Unpublished (1992)
UG280	HIVUG280	L11802	Louwagie,J.J.	AIDS 7, 769 (1993)
YU2	HIVYU2	M93258	Li,Y.	JVI 65, 3973 (1991)
BCSG3C	HIVBCSG3C	L02317	Ghosh,S.K.	Virol. 194, 858 (1993)
P896	HIVP896	M96155	Collman,R.	JVI 66, 7517 (1992)
3202A12	HIV3202A12	U34603	Guillon,C.	ARHR 11, 1537 (1995)
3202A21	HIV3202A21	U34604	Guillon,C.	ARHR 11, 1537 (1995)

GAG46	HIVGAG46	U29413	Yoshimura,F.K.	Unpublished (1995)
MANC	HIVMANC	U23487	Zhu,T.	Nature 3745, 503 (1995)
GAG314	HIVGAG314	U29404	Yoshimura,F.K.	Unpublished (1995)
GAG22	HIVGAG22	U29255	Yoshimura,F.K.	Unpublished (1995)
GAG15	HIVGAG15	U29246	Yoshimura,F.K.	Unpublished (1995)
WEAU160	HIVWEAU160	U21135	Ghosh,S.	Unpublished (1995)
<b>SUBTYPE C:</b>				
UG268	HIVUG268	L11799	Louwagie,J.J.	AIDS 7, 769 (1993)
SM145	HIVSM145	L11803	Louwagie,J.J.	AIDS 7, 769 (1993)
ZAM18	HIVZAM18	L03705	McCutchan,F.	JAIDS 5, 441 (1992)
ZAM19	HIVZAM19	L03706	McCutchan,F.E.	JAIDS 5, 441 (1992)
ZAM20	HIVZAM20	L03707	McCutchan,F.	JAIDS 5, 441 (1992)
DJ259	HIVDJ259	L11764	Louwagie,J.J.	AIDS 7, 769 (1993)
VI313	HIVVI313	L11787	Louwagie,J.J.	AIDS 7, 769 (1993)
<b>SUBTYPE D:</b>				
ELI	HIVELI	K03454	Alizon,M.	Cell 46, 63 (1986)
Z2Z6	HIVZ2Z6	M22639	Theodore, T.	Unpublished (1988)
NDK	HIVNDK	M27323	Spire,B.	Gene 81, 275 (1989)
VI205	HIVVI205	L11785	Louwagie,J.J.	AIDS 7, 769 (1993)
G109	HIVG109	L11765	Louwagie,J.J.	AIDS 7, 769 (1993)
K31	HIVK31	L11771	Louwagie,J.J.	AIDS 7, 769 (1993)
UG274	HIVUG274	L11801	Louwagie,J.J.	AIDS 7, 769 (1993)
UG270	HIVUG270	L11800	Louwagie,J.J.	AIDS 7, 769 (1993)
SE365	HIVSE365	L11797	Louwagie,J.J.	AIDS 7, 769 (1993)
VI203	HIVVI203	L11784	Louwagie,J.J.	AIDS 7, 769 (1993)
<b>SUBTYPE F:</b>				
VI174	HIVVI174	L11782	Louwagie,J.J.	AIDS 7, 769 (1993)
VI69	HIVVI69	L11796	Louwagie,J.J.	AIDS 7, 769 (1993)
BZ162	HIVBZ162	L11751	Louwagie,J.J.	AIDS 7, 769 (1993)
VI325	HIVVI325	L11789	Louwagie,J.J.	AIDS 7, 769 (1993)
BZ163B	HIVBZ163B	L22086	Louwagie,J.J.	ARHR 10, 561 (1994)
<b>SUBTYPE G:</b>				
LBV217	HIVLBV217	L11778	Louwagie,J.J.	AIDS 7, 769 (1993)
VI191	HIVVI191	L11783	Louwagie,J.J.	AIDS 7, 769 (1993)
JV831	HIVJV831	U13212	Abimiku,A.G.	ARHR 10, 1581 (1994)
<b>SUBTYPE H:</b>				
VI525	HIVVI525	L11792	Louwagie,J.J.	AIDS 7, 769 (1993)
VI557	HIVVI557	U09666	Janssens,W.	ARHR 10, 877 (1994)
<b>HYBRIDS:</b>				
AD_K124	HIVK124	L11769	Louwagie,J.J.	AIDS 7, 769 (1993)
AD_MAL	HIVMAL	K03456	Alizon,M.	Cell 46, 63 (1986)
AD_CI32	HIVCI32	L11756	Louwagie,J.J.	AIDS 7, 769 (1993)
AD_G141	HIVG141	L11766	Louwagie,J.J.	AIDS 7, 769 (1993)
AG_VI35	HIVVI354	L11790	Louwagie,J.J.	AIDS 7, 769 (1993)
AG_LBV1	HIVLBV105	L11776	Louwagie,J.J.	AIDS 7, 769 (1993)
BF_BZ20	HIVBZ200	L11754	Louwagie,J.J.	AIDS 7, 769 (1993)
<b>SUBTYPE O:</b>				
ANT70C	HIVANT70C	L20587	Vanden Haesevelde,M.	JVI 68, 1586 (1994)
MVP5180	HIVMVP5180	L20571	Gurtler,L.G.	JVI 68, 1581 (1994)
<b>CPZ:</b>				
CPZGAB	SIVCPZGAB	X52154	Huet,T.	Nature 345, 356 (1990)
CPZANT	SIVCPZANT	U42720	Vanden Haesevelde,M.	Virol. In Press (1996)

# HIV1 GAG

Subtype E is not currently represented in GAG. The sequences K124, MAL, CI32, G141, VI354, LBV105, and BZ200 have been identified as likely hybrids in this region. They are presented with respect to a duplicate of the subtype A consensus.

CONSENSUS-A	ATgGGTGCgAGAgcGTCagTatTaAgtGggggaaaATTaGATgcaTgGgAgAaaATTcgGtTAaGGCCaG	70
U455	-----C--AA-----T-----	70
BZ126B	-----C-----T-----	70
IBNG	-----	70
VI59	--A-----C-A-----A-----	70
VI310	-----C-----AAG-----	70
VI57	-----C-A-----	70
K112	-----	70
K88	-----G-----	70
K29	-----	70
K7	--A-----C-----C-----AG-A-----	70
K98	-----A-----	70
K89	-----C-----A-G-----	70
VI32	-----A-----	70
VI415	-----	70
CI4	-----G-----C-----	70
LBV23	-----C-----A-G--A-----	70
TN2431	-----A-----C-----	70
TN245	-----A-----C-----	70
TN240	-----A-----C-----	70
CI20	-----G-----	70
CI59	-----G-----	70
LBV2310	-----T-----	70
CI51	-----A-----T-----	70
IC144	-----C-A-----G-----	70
DJ258	-----T-----G-----	70
TN238	-----C-----A-----C-----	70
UG266	-----T-----C-A--G-----A-----	70
CONSENSUS-B	ATGGGTGCgAGAGcGTCaGTATaAGcGggGGagAATTaGAtagaTGGgAaAaaATTcggtTAaGGCCAg	70
SF2	-----G-----A-----	70
BZ167	-----G-----G-----	70
PH153	-----GA-----C-----	70
PH136	-----C-----G-----	70
TB132	-----C-----A-G-----C-----	70
BZ190	-----A-----A-----	70
LAI	-----C-----	70
HXB2R	-----C-----	70
MN	-----G-----C-----C-----	70
JH31	-----C-----G-----	70
JRCSF	-----G-----G-----	70
JRFL	-----A--G--A-----	70
OYI	-----A-----	70
NY5CG	-----G-----A-----	70
NL43	-----G-----A-----	70
CDC41	-----	70
HAN	-----C-A-----	70
CAM1	-----A-----	70
RF	-----C--A-----C-A-----A	70
D31	-----	70
UG280	-----C-----	70
YU2	-----T-C--G-----AG-----	70
BCSG3C	-----G-----A--G--AG--G-----	70
P896	-----G-----	70
3202A12	-----A-----	70
3202A21	-----A--G-----	70
GAG46	-----	70
MANC	-----A-----A-----	70
GAG314	-----A-A-----	70
GAG22	-----A-----A-----	70
GAG15	-----C-----GC-----	70
WEAU160	-----G-----G-----	70

# HIV1 GAG

CONSENSUS-C	ATGGGTGCGAGAGCGTCAaTATTAAGAGGcGgAAAATTAGATacaTGGGAaAaAATTAgGtTAAgGCCAG	70
UG268	-----G-----C-----A-----	70
SM145	-----G-----G-----	70
ZAM18	-----A G-----	70
ZAM19	-----N G-----G-----	70
ZAM20	-----G-----A-----G-----	70
DJ259	-----A-----G-C-----A-C-----	70
VI313	-----C-----G-----A-----A-----	70
CONSENSUS-D	ATGGGTGCGAGAGCGTCaGTATTAAGCGGGGAaAAtTaGATgaaTGGGAAaAATTcGTTACGGCCAG	70
ELI	-----A-----	70
Z226	-----G-----C-----	70
NDK	-----AC-----G-----	70
VI205	-----C-----	70
G109	-----C-----C-----G-----	70
K31	-----A-----	70
UG274	-----	70
UG270	-----G-----C-----	70
SE365	-----C-----C-----CG-----	70
VI203	-----C-----TCG-----	70
CONSENSUS-F	ATGGGTGCGAGAGCGTCAGTATTAAGCGGgGGAAAAAtTaGATgCATGGGAAAAAATTCggTTAAGgCCgG	70
VI174	-----A-----	70
VI69	-----A-----A-----	70
BZ162	-----A-----C-----A-----A-----	70
VI325	-----G-----A-----A-----A-----	70
BZ163B	-----C-----	70
CONSENSUS-G	ATGGGTGCGAGAGCGTCAGTATTAAGCGGGGAAAA?TAGATG?ATGGGAAAAAATT?GG?TGAGGCCAG	66
LBV217	-----T-----A-----A-----C-----	70
VI191	-----C-----C-----C-----T-----	70
CONSENSUS-H	ATGGGTGCGAGAGCGTCAGTATT?AGCGGGGAA?ATTAGATGC?TGGGAGAAAAATTCGGTT?AGGCCAG	66
VI525	-----G-----G-----T-----A-----	70
VI557	-----A-----A-----A-----G-----	70
CONSENSUS-O	ATGGGTGCGAG?GCGTCTGTGTTGACAGG?AG?AAATTGGATGCATGGGAAC?AATTAGGTTAA?GCCAG	65
ANT70	-----T-----A-----C-----A-----A-----	70
MVP5180	-----A-----G-----T-----G-----G-----	70
CONSENSUS-A	ATgGGTgCGAGAgcGTCagTatTaAgtGgggaaaATTaGATgcaTgGgAgAaaATTcgGtTAaGGCCaG	70
AD_K124	-----C-----	70
AD_MAL	-----C-----	70
AD_CI32	-----G-----CG-----	70
AD_G141	-----C-----G-----AT-----A-----A-----C-----	70
AG_VI354	-----A-----C-----C-----A-----A-----G-----G-----	70
AG_LBV105	-----G-----C-----A-----C-----	70
BF_BZ200	-----C-----C-----G-----AA-----A-----	70
CONSENSUS-CPZ	ATGGG?GCG?G?GCGTC?GTT?T?A?G?G?G?A?A?TAGAT?T?TGGGAAA??T??GGCTT?GGCCCCG	48
CPZGAB	-----T-----A-----A-----C-----A-----CA-----G-----GA-----AT-----CGC-----AAG-----TC-----A-----	70
CPZANT	-----A-----G-----G-----T-----T-----G-----GG-----A-----AG-----GC-----ACA-----GTA-----CA-----C-----	70

HIV1 GAG

```

CONSENSUS-A  ggGGAAagAAAAaaTATagacTgAAAaCAT?TAgTaTgGGCaaGCagggAGcTgGAaagATTcgCACTtaA  139
U455          -----C-----T-----A--A-----  140
BZ126B       -----C--C-----A-----T-----A-----C--  140
IBNG         -----A-----C-----  140
VI59         -A-----C-----T--G-A-----A-----A-----  140
VI310        -----C-----A-G--C--G-----  140
VI57         -----C-----  140
K112         -----A-C-----C-----A--T-----  140
K88          -----A-----T-----C--T-----  140
K29          -----A-----T-----T-----  140
K7           -----C-----  140
K98          -----T---G---A--A---A-----  140
K89          -----A-----T-----  140
VI32         -----A-----T-----C-----  140
VI415        -----G-----A-----C-----C-----  140
CI4          -----A-----C-A-----G--A-----  140
LBV23        -----A-----C-----T-----  140
TN2431       -----GA---G---GA-----T-----A--T-A-----  140
TN245        -----GA---G---AGA-----T-----A--T-A-----  140
TN240        -----GA-----G-----T-----A--T-A-----  140
CI20         -----A-----C-----  140
CI59         -----A-----C-----  140
LBV2310      -----A-----C-----  140
CI51         -----G---C-----A-----C-----  140
IC144        -----A-----C-----T-----  140
DJ258        -----A-----C-----G-----  140
TN238        -----G-----AGA-A-----T-----C-A--T-A-----  140
UG266        A-----A-----C--G-A-----A--A-----  140

```

/<- INS-1

```

CONSENSUS-B  ggGGAAagaAAAAaTataaatTAAAaCATaTAGTATGGGCAAGCagggAgCTAGAACGaTTcgCagTtaA  140
SF2          -----G-----C-----  140
BZ167        -----GG-----G-----A-----  140
PH153        -----C-----  140
PH136        -----  140
TB132        -----G-----  140
BZ190        -----GG---C--C-----A-----  140
LAI          -----  140
HXB2R        -----  140
MN           -----G-----C-----  140
JH31         -----T-----  140
JRCSF        -A-----G-----T-----C-----  140
JRFL         -----G-----T-----  140
OYI          -----C-C-----A-----  140
NY5CG        -----C-----G-C-----A-----  140
NL43         -----C-----C-----  140
CDC41        -----C-----CG---G-----A-----C-----  140
HAN          -----C-----  140
CAM1         -----  140
RF           -----G---G-----T--T--C-----  140
D31          -----G-----A-----  140
UG280        -----  140
YU2         -----C---G-----G-----  140
BCSG3C       -----C-----  140
P896        -----C-----  140
3202A12     -----GCC---G-----T-----  140
3202A21     -----G-----T-----  140
GAG46        A-----G-----  140
MANC         -----G-----A-----  140
GAG314      -----CC-----  140
GAG22        -----C-----  140
GAG15        -----G-C-----T-----A-----  140
WEAU160     -----T-----C-----C-----  140

```

HIV1 GAG

CONSENSUS-C	GgGGAAaGAAAcacTATATGaTaAAACAccTAGTaTGGGCAAGCAGGGAGCTgGaAAgATTTGCACTTaa	140
UG268	-----TG-----G-----C-----G-----	140
SM145	-----	140
ZAM18	-----	140
ZAM19	-----T-----A-----	140
ZAM20	-----T-----TT-----	140
DJ259	-A--G--G--C--C--A--	140
VI313	-----G-----	140
CONSENSUS-D	GaggAaagAAAAATATaaCTaAAACATaTagTATGGGCAAGCAGgGAgCTagAACGATtTgCacTTAA	140
ELI	-----G-----A-----	140
Z226	-----G-----C-----	140
NDK	-----GC-----T-GA-----A-----	140
VI205	--AA--GC-----G-----A-----	140
G109	-G-----C-----A-----	140
K31	-G--C-C-----A-----	140
UG274	-G--C-----G-----A-----	140
UG270	-G--C-----C-----	140
SE365	-----G-----A-----	140
VI203	-----G--G-----A-----	140
CONSENSUS-F	GgGGaAagAAAAATatAga?TgAAgCATCTAgTATGGGCAAGCAGGGAgcTAGAAcGATTTGCAaTTaA	139
VI174	---G-----A-----G-----	140
VI69	---G-----C-A-A-----A-----AT-----A-----C-G-	140
BZ162	-----T-----	140
VI325	-A---GC-----GC-A-A-----C---	140
BZ163B	-----CT-----	140
CONSENSUS-G	GGGGAAAGAAA?AATATAGAAT?AA?CAT?TAGTATGGGCAAGCAGGGAGCTGGA?A?ATTTGCACTTAA	130
LBV217	-----A-----G-A--T-----G-G-----	140
VI191	-----C-----A-G--C-----A-A-----	140
CONSENSUS-H	GGGGAAAGAAA?AATATAG?CT?AAACAT?TAGTATGGGCAAGCAG?GAGCTGGAAAAGATTTGCACT?AA	130
VI525	-----C-----G-A--C-----A-----T--	140
VI557	-----A-----A-G--T-----G-----C--	140
CONSENSUS-O	GATCTAAAAAG??ATATAG?CTAAAAACA?TTAGTATGGGCAAGCAG?GAGCTGGAAAAGAT?CGCATGTAA	129
ANT70	-----AA-----A-----C-----A-----T-----	140
MVP5180	-----GC-----G-----T-----G-----A-----	140
CONSENSUS-A	ggGGAAaGAAAAaTATagacTgAAaCAT?TagTaTgGGCaaGCagggAGcTgGAaagATTcgCACTtaA	139
AD_K124	-----G-----T-----T-----	140
AD_MAL	-----T-----	140
AD_CI32	-----A--A--T-----	140
AD_G141	-----CC---GG---AG-A--A-----C---T---G-	140
AG_VI354	-----G---CAGA-A--A--G-----A-----G-A--T-----	140
AG_LBV105	-----A-----C-----T-----	140
BF_BZ200	-----GC---A-T-A--A-----A--C-----G---	140
CONSENSUS-CPZ	G?GG?A??AAAA??TA?ATGAT?AAACAT?T?GT?TGGGCAAG??GAGCTG?A??G?TT?GC?????	93
CPZGAB	-G--A-GA---GA--T---G---T-A-A---CAG---G-AA-A--C--ATGTGA	140
CPZANT	-T--C-AG---AG--C---A---C-G--T---ATC---C-GC-T--T--GCTCAG	140

# HIV1 GAG

CONSENSUS-A	cCCTaGccTTtTagAaACAgcaGaagGatGTcaacaaaTAaTggaaCAgtTacAatCAgcTcTcaagACA	209
U455	-----G-----G-----C-G-A-----C-----C-----	210
BZ126B	-----T-----AG-----A-GG-----C-----CC-----	210
IBNG	-----G-----G-----C-----G-----	210
VI59	-----A-----A-----A-----C-----	210
VI310	-----A-G-----A-----C-----	210
VI57	-----A-----C-----C-----A-----	210
K112	-----G-A-----	210
K88	-----C-----	210
K29	-----A-----A-----C-----A-----	210
K7	-----A-----A-G-----	210
K98	-----G-----A-----G-----G-----A-----C-----	210
K89	-----A-----G-----A-----C-----	210
VI32	-----C-G-----AA-----G-----G-----	210
VI415	-----G-----C-----C-----GC-----	210
CI4	-----A-----G-----C-----	210
LBV23	-----G-----G-----A-----C-----	210
TN2431	-----G-----A-----G-----A-----	210
TN245	-----G-----C-----AAG-----G-----A-----	210
TN240	-----T-----A-----G-----A-----	210
CI20	-----C-----G-----G-----C-----G-----CA-----G-----	210
CI59	-----G-----T-----C-----	210
LBV2310	-----G-----T-----G-----	210
CI51	-----A-----A-----	210
IC144	-----G-T-----C-----A-----	210
DJ258	-----G-----GT-----GG-----	210
TN238	-----G-----T-----A-----G-----A-----	210
UG266	-----A-----AG-----C-A-----A-----C-----C-----	210
	- - - INS-1 - - -	
CONSENSUS-B	tCctgGCCTgtTaGAaaCatCagaaGGcTGtaGAcAaATAcTgggaCAgcTACaacCatccCTtcAgACA	210
SF2	-----C-----T-----G-----	210
BZ167	-----AC-----GG-----C-----G-----T-----	210
PH153	-----T-----G-----	210
PH136	-----G-----G-----T-----A-----G-----	210
TB132	-----A-G-----G-----AG-----	210
BZ190	-----G-----G-----	210
LAI	-----	210
HXB2R	-----	210
MN	-----	210
JH31	-----A-----G-----	210
JRCSF	-----T-----A-----A-----	210
JRFL	-----T-----A-----T-----G-----A-----	210
OYI	-----T-----T-----A-----	210
NY5CG	-----T-----G-----A-----	210
NL43	-----T-----G-----	210
CDC41	-----T-----A-----T-----	210
HAN	-----G-----A-----G-----	210
CAM1	-----T-----G-----G-----	210
RF	-----A-----T-----G-----G-----G-----G-----	210
D31	-----T-----	210
UG280	-----A-----G-----	210
YU2	-----G-----G-----	210
BCSG3C	-----C-----G-----G-----	210
P896	C-----A-----G-----G-----T-----	210
3202A12	-----G-----G-----C-----G-----	210
3202A21	-----G-----G-----C-----G-----	210
GAG46	C-----G-----G-----T-----	210
MANC	-----T-----A-----T-----C-----A-----	210
GAG314	-----T-----G-----A-----	210
GAG22	-----A-----G-----	210
GAG15	-----G-----C-----AAC-----G-----T-----	210
WEAU160	-----AT-----	210

CONSENSUS-C	CcCTgGcCTTTTAGAgACAtCAGaAGGCTGTaAcAAATAATaAaAcAGCTaCAaCCAgCTcTTCAGACA	210
UG268	-T-----A-----G-----	210
SM145	-----G-----G-----	210
ZAM18	-----T--A-----	210
ZAM19	-----T-----	210
ZAM20	-----G---C-----G-----T-----	210
DJ259	---A-----G-----	210
VI313	-----C-----G-G-----A-----	210
CONSENSUS-D	TCCTGGCCTTTTAGAgACatCAGAaGGcTGTaAcAAATAATaGgaCAGCTACAaCCAgcTaTtcagaCA	210
ELI	-----A-----G-----	210
Z226	-----T-----C-G-----	210
NDK	-----T-----A-----	210
VI205	-----G-----A-----	210
G109	-----G-----A-----C--AA-C-----T--	210
K31	-----A--C-----G-----C-----	210
UG274	-----A-----G-----C--A-----	210
UG270	-----A--C-----G-----T-----	210
SE365	-----T---G-----	210
VI203	-----A-----T-----	210
CONSENSUS-F	tCCtGcCTTcTAGAaACAtCAGAAGGCTGTcgaaAAATAATAgGACAgTtACAaCaTCCCTTCAGACA	209
VI174	-----T-----C-----A-G-----C-----A-----	210
VI69	-----A-----	210
BZ162	-----A-----	209
VI325	C--CA-----T---G---A-----GC-----A---A-----	210
BZ163B	-----A-----T-G-----	210
CONSENSUS-G	CCCTGGCCT?TTAGAAACAACAGAAGG?TGTCAACAAATA?TG??ACAGTTGCAACCA?CTCTCCAGACA	194
LBV217	-----C-----T-----C--CA-----T-----	210
VI191	-----T-----C-----A--AG-----G-----	210
CONSENSUS-H	CCC?G?CCTTTTAGA?ACA?CAGAAGGCTGTCTACA??TAATAGAACAGCTACA?CCAGCTCTTAAGACA	193
VI525	---T-G-----A--T-----GA-----G-----	210
VI557	---C-A-----C--G-----AT-----A-----	210
CONSENSUS-O	TCCTG??CTA?TAGAAACTGCAGA?GGTA?TGAG?A?CTGCTACAGCAGTTAGAGCCAGCTCTCAAGACA	192
ANT70	---AG---C-----G---A---A-G-----	210
MVP5180	---GT---T-----A---C---C-A-----	210
CONSENSUS-A	cCCtaGccTtTtagAaACAgcaGaagGatGTcaacaaaTaaTggaaCAgtTacAatCAgcTcTcaagACA	209
AD_K124	-----A-----T-----	210
AD_MAL	---G-----G-----C-----A-----	210
AD_CI32	-----T-----C---A-----C-----A-----GG-----	210
AD_G141	T--C-----C---G---T---G---C---A-----C-A-G-----C-----C-----T-----	210
AG_VI354	---CG-T---A-----G-----A-----A-----	210
AG_LBV105	---G-----C-A-----C-A-----C--T--G--T--A---	210
BF_BZ200	---CG---C-----T-----C---G-A-----A-G-----C-----C--T-C--TC-----	210
CONSENSUS-CPZ	C?CC??CT??T?GAAA????GAAGG?TGT??AA????T?CA?CAATT??CC??C??T??AAA?A	129
CPZGAB	-C--GGG--AA-G----GTAAG-----A---ACT--ATTGT-A--A-----AGAG--AG-TC-CA---C-	210
CPZANT	-T--TCC--TC-A----CATCA-----T--GAA--GGCTA-C--T-----GAGC--TT-CA-AG---T-	210

# HIV1 GAG

CONSENSUS-A	Gga?CAGaAGAAcTtAaaTCaTTAtttAAataCagTAGcAacCCTcTatTgcgTaCaTcaaaggATAgA?g	277
U455	---A-----G-----A-----GT-----T-----T-----	280
BZ126B	---A-----A--G-----A-----GT-----AT-----G-----	280
IBNG	---T-----G-----A-----T-GG-----G-----CA-----	280
VI59	---A-----G-----G-----GT-----C-----TA-----	280
VI310	---A-----A-G-----A-----GT-----T-----C-----G-----	280
VI57	---A-----G-----GT-----C-----G-----	280
K112	---A-----G-----T-----A-----T-----	280
K88	---A-----G-----C-----T-----A-----T-----	280
K29	---A-----G-----C-----G-----	280
K7	---A-----GG-----A-----T-----G-CA-----G-----	280
K98	---A-----G--G--A-----C-----T-----	280
K89	---GA-----G-----GG-----CAA--A-T-----	280
VI32	---A-----A-----A-----GT-----T--T-----C-----T-----	280
VI415	---A-----A-----A-----T-----G-----T-----	280
CI4	---A-----G-----A--C-----C-----T-----	280
LBV23	---GA-----A-----CA-----GT-----G-----T-----	280
TN2431	---T-----G-----GG-----C-----G-----	280
TN245	---T-----T-----GG-----G--C-----G-----	280
TN240	---T-----G-----C-----G-----	280
CI20	---T-----A-----T-GG-----CA-----	280
CI59	---T-----G--A-----GT--T-GG-----CA-----	280
LBV2310	---T-----A-----T-GG-----C-----	280
CI51	---T-----G-----T-GG-----CA-----	280
IC144	---T-----G-----A-----T-----A-----CA-----	280
DJ258	-A-T-A-----A-----CA-----GT--T-GG-----CA-----	280
TN238	---T-----GG-----C-----G-----	280
UG266	---G-----G--C--A-----GT-----GA-----	280
	- - - INS-1 - - -	
CONSENSUS-B	GGAtCAGAAGAactTAGATCATTataTAAtaCAGTAGCaaccCtcTATTGTGtgCATCAAaggATAGAgg	280
SF2	-----A-----T-----	280
BZ167	-----A-----A-----T-----	280
PH153	---A-----AC-----	280
PH136	-----A--C-----A-----T-----	280
TB132	-----A-----GT-----A-----A-----	280
BZ190	-----A-----T--G-----GT-----CA-----	280
LAI	-----A-----	280
HXB2R	-----A-----	280
MN	-----A-----A-----A-----	280
JH31	-----A-----T-----A-----A-----	280
JRCSF	-----C-----A-----A-----	280
JRFL	-----A-----	280
OYI	---A-----T--T-----A-----	280
NY5CG	-----G-----T-----GT-----T-----	280
NL43	-----A-----GT-----T-----	280
CDC41	-----	280
HAN	-----A-----	280
CAM1	-----A-----T-----	280
RF	-----A-----G-----A-----AT-----	280
D31	-----T--C-----	280
UG280	-----G-T-----T-----	280
YU2	---G-----C-----A-----A-----	280
BCSG3C	-----A-----A-----GT-----T-----T-----	280
P896	-----A-----	280
3202A12	-----T-----GT-----A-----	280
3202A21	-----T-----GT-----A-----	280
GAG46	-----	280
MANC	---A-----C-----GT-----G-----	280
GAG314	---A-----A-----A-----T-----	280
GAG22	---G--A-----C-----GTT-----T-----	280
GAG15	---A-----T-----GT--A-----T-----	280
WEAU160	-----TGT-----A-----	280

# HIV1 GAG

CONSENSUS-C	GGaACAgAgGAACTTAgATCATTATatAAcaCAGTAGcAactCTcTatTGTGTACATgaa?agATAgagg	279
UG268	--G-----T-----TC-----A--GG-----A-	280
SM145	-----A-----TC-----T-----A-GG-----G-T---ACA-	280
ZAM18	-----A-----C-C---G-----GTC-----A--N-T---ACA-	280
ZAM19	-----A-----C-C---G-----GTC-----A--N-T---ACA-	280
ZAM20	-----A-----C-C---G-----GTC-----A--N-T---ACA-	280
DJ259	-----A-----T-----C-AG-----A	280
VI313	-----A-----T-----C---T-----GA-----A	280
CONSENSUS-D	GGAtCagAaGAacTtAaATCATTAT?TAATACAgTAGCAACcCTCTATTGtGTACATgaaaggATAgAgG	279
ELI	--A-----G-----A-----A--G-A-----T-	280
Z2Z6	-----G-----T-----	280
NDK	-----A--G-----A-----	280
VI205	-----A-----A-----T-----A-----	280
G109	-----G-----C-----A-----A-C-----	280
K31	-----G--A-----A-----C-----C-G-----A--	280
UG274	-----G--A-C-----T-----A-----	280
UG270	-----G--G-----T-----T-----A-----	280
SE365	-----G-----A-----A-----A-----	280
VI203	--A-----T-----C-----	280
CONSENSUS-F	GGATCAGAAGAGCTTAgATCATTaTatAATACAgTAGcAgtcCTCTATTtGTACATCAaAgggTAGAGg	279
VI174	-----G-T-----A--T-----A-----A	280
VI69	-----T-----A-----	280
BZ162	-----	279
VI325	-----A-----TC-----T-AC-----GC-----G--A---A	280
BZ163B	-----A-----	280
CONSENSUS-G	GGAACAGAGGAG?TTAAATCA?TAT?TAAT?CA?TAGCA??TCTCT??TGT?TACATCAAAGGATAGagg	254
LBV217	-----C-----T---T---G--G---GT---GG---A-----G--	280
VI191	-----A-----C--A--A--A---AC---AT--G-----A	280
JV831	-----	9
CONSENSUS-H	GGAACAGAAGAACTTCAATCATTATTTAATCTATTAGCA??CCTCTATTG?GTACATCAAAGAATAGAT?	259
VI525	-----GT-----T-----A	280
VI557	-----AC-----C-----G	280
CONSENSUS-O	GGGTCAGA??CCTG?A?TC?CTCTGGAACGCAATAG?AGT?CTCTGGTG?GTTCAACAGAT?T?A?A	250
ANT70	-----CAG---C-G--A-----T--G-----T-----A-A-A-	280
MVP5180	-----GGA---A-A--T-----C--A-----C-----T-G-C-	280
CONSENSUS-A	Gga?CAGaAGAAcTtAaaTCaTTAtttAAtaCagTAGcAacCCTcTatTgcgTaCaTcaaaggATAgA?g	277
AD_K124	---A-----A--G-----G-----GT-----T-----C-----G-	280
AD_MAL	---T-----A-----A-----T-----T-----T-----	280
AD_CI32	---T-----G-----A-----A-----T-GG--T-----G-----GA	280
AD_G141	---T-----C---C---A-----T-----GC---A---AA	280
AG_VI354	---T-----T-----T-----A-----A-T-	280
AG_LBV105	---T-----G-----T-----TG--T-----C-----G-	280
BF_BZ200	---T-----G-----A-----GT-----T-CG-----A-----T-	280
CONSENSUS-CPZ	?G?TC????G?A?T????TC?TTGTTTTAACAC??T????GT?CTGTGGTGC?TACATA??G????A???	168
CPZGAB	G-C--AGAA-G-C-GCGG--C-----TC-GGCA--A-----A-----GT-ACATC-CTG	280
CPZANT	A-A--CCCT-A-A-AATA--T-----CA-TTGT--T-----G-----AA-GGGAA-AGA	280

# HIV1 GAG

CONSENSUS-A	TAAaaGACaCCAAgGAaGcttTagAtAaAaTaGAGGaAatacAAAatAAgagcaagcaaaag???????	339
U455	-----A-----G-----A-----G-----	342
BZ126B	-----C-----G-----GA-----C-ACA-----G-----	342
IBNG	-----C-----G-----	342
VI59	-----A-----C-----A-----G-----T-----	342
VI310	-----	342
VI57	-----T-----G-----	342
K112	-----G-----C-----	342
K88	-----G-----C-----C-----	342
K29	-----G-----C-----T-G-----	342
K7	-----A-----C-----	342
K98	-----C-----	342
K89	-----C-G-----A-----A-----	342
VI32	-----C-----A-----T-----	342
VI415	-----A-----A-----A-----	342
CI4	-----C-----	342
LBV23	-----G-----G-----G-----CC-----	342
TN2431	-----G-----C-----	342
TN245	-----G-----C-----	342
TN240	-----G-----C-----	342
CI20	-----C-----T-----	336
CI59	-----A-----C-----T-----G-----A-----	342
LBV2310	-----C-----T-----A-----	342
CI51	-----C-----GC-----CAA-----A-----	339
IC144	-----G-----C-----	342
DJ258	-----C-----C-G-----	342
TN238	-----G-----C-----	342
UG266	-----G-----	342
INS-1 ->/		
CONSENSUS-B	TAAaaGACaCCAAgGAAGcTTTAGA?AAgaTaGAGGAAGAgCAAaaCaaAGtAagaAAAA? . . . . .	340
SF2	-----G-----G-----G-----	342
BZ167	---G-----G-----G-----G-----	342
PH153	-----A-----C-----G-----	342
PH136	-----G-----A-----	342
TB132	-----G-----A-----	342
BZ190	-----T-----C-----T-----G-----	342
LAI	-----C-----A-----	342
HXB2R	-----C-----A-----	342
MN	-----G-A-----A-----	342
JH31	-----G-----A-----	342
JRCSF	-----A-----C-----T-----G-----	342
JRFL	-----A-----GC-----A-----	342
OYI	-----T-----A-----	342
NY5CG	-----C-----T-----G-----	342
NL43	-----C-----T-----G-----	342
CDC41	---G-----A-----C-----A-----A-----	342
HAN	-----C-----G-----C-----G-----	342
CAM1	-----C-----G-A-----G-----	342
RF	---G-----C-----A-----	342
D31	-----T-----A-----	342
UG280	-----C-----G-----	342
YU2	-----G-----A-----	342
BCSG3C	-----G-----C-----A-----	342
P896	-----T-----G-----	342
3202A12	-----T-----G-----	342
3202A21	-----T-----G-----	342
GAG46	-----G-----A-----	342
MANC	-----T-----A-----	342
GAG314	-----A-----T-----G-----G-----A-----	342
GAG22	---G-----A-----G-A-----G-----	342
GAG15	-----C-----A-----	342
WEAU160	-----T-----T-----C-----G-----	342

HIV1 GAG

CONSENSUS-C	TACgAGACACCAAgGAAGCctTAGACaagaTagAGGAAGAACAAAACAAaagTCAGCAAAAA?????..	341
UG268	-----G-T-----	342
SM145	-----	342
ZAM18	-----G-T-----ACAAAA..	348
ZAM19	-----N-----G-----GT-----	342
ZAM20	-----G-----T-----	342
DJ259	--A-----A-----AC-----T-----	342
VI313	-----A--A-----	342
CONSENSUS-D	TaaaagAcACcAAgGAAGCttTAGAaAAgaTgGAgGAAGAAcAAAaCAAAGTAAGAAaAAG???????	341
ELI	-----G-----	342
Z2Z6	-----C--AAAG....	345
NDK	-----A-----G-----	342
VI205	-G-----C-----AC-----AAGA....	345
G109	-----GCACAGCA	350
K31	--C-A-----C-----A-----C-----A.....	342
UG274	--C-----C-----A-----C-----	342
UG270	--GC-----A-----C-----A-A-----G-----C-----A.....	342
SE365	-----G-----G-----G-----	342
VI203	---G--T-----C--AT-----	342
CONSENSUS-F	TAAaGGACACCAAGGAAGCTTTAGAcAAgCTAGAgGAaGAACAAAACAAAAGTcAGCAAAAG.....	341
VI174	-----A-----G-----	342
VI69	-----G-----	342
BZ162	-----	341
VI325	---G-----C-----A-----A-----A-----	342
BZ163B	-----	342
CONSENSUS-G	TAAAAGACACCaAAGAAGCTcTAgAGGAAGTGGaAA??caCAAAaGAACAGTCAGCAAAaA.....	314
LBV217	-----GAGG-----	342
VI191	-----C-----T--C-----G--GG-----A-----	342
JV831	-----AAT-----G-----	71
CONSENSUS-H	TAAAAGACACCAAGGAAGCTTTA??AAG?TA?AGGA?G?ACAAAACAA?AG?CAG?A?A??.....	308
VI525	-----AGT--A--G--A-T-----C--A--C--A-AA.....	342
VI557	-----GAG--T--A--G-C-----A--C--A--C-GG.....	342
CONSENSUS-O	T??GAGATAC?CAGCAGGCAATACAAAAGTTAAAGGAAGTA...ATGG??AGCAGGAAGTCT.....	304
ANT70	-TG-----G-----GG-----	339
MVP5180	-CC-----A-----CA-----	339
CONSENSUS-A	TAAaaGACaCCAAGGAAGCttTagAtAaAaTaGAgGaAatacAAAatAAGagcaagcaaaag???????	339
AD_K124	-----C-----C-----G-----A-----	342
AD_MAL	-----GC-----G-----ACACAGCA	350
AD_CI32	-----C-----ACACAGCA	350
AD_G141	-----C-----	336
AG_VI354	-----A-----A-----A.....	342
AG_LBV105	---G-----A-----C-----	342
BF_BZ200	-----C--G-----GA--G-C--A--T--A-----	342
CONSENSUS-CPZ	TA?AAGACACA?A??AAGC??T??AA??T?AA??G?A??????A??ACA????AAAC?G?AAG	203
CPZGAB	--G-----C-GA----TC-AG--CAGC-A--GCG-C-TCATGGAG-ACA--GAGCA----T-A---	350
CPZANT	--A-----G-AC---CG-TA--ACAG-G--AAT-A-AGTAATGC-GAC--AGCAG---A-G---	350

# HIV1 GAG

CONSENSUS-A	?????????acacagcaggCaGcaGCT.....g?cACA...ggaAgC???. ....agcagcaa?gtc	379
U455	.....AA-----	372
BZ126B	.....-T-----	378
IBNG	.....GT-----A-----	375
VI59	.....AA-----A-----A-----G-----	384
VI310	.....-A-----A-----	381
VI57	.....A-----A-----A-----A-----	384
K112	.....A-----AT-----A-----G-----	384
K88	.....A-----A-----A-----G-----	384
K29	.....A-----CT-----A-----G-----	384
K7	.....A-----A-----A-----A-----	384
K98	.....GA--A-----A-----A-----G-----	384
K89	.....A-----AT-----A-----A-----G--T	384
VI32	.....G--A-----A-----A-----G--A--	384
VI415	.....A-----G-----A-----C-----	384
CI4	.....A-----A-----AC--G--	378
LBV23	.....A-----A-----G-----A-----	384
TN2431	.....G-----A-----A-----	384
TN245	.....G-----A-----	384
TN240	.....G-----A-----	384
CI20	.....A-----C-----	360
CI59	.....C-----G-----	375
LBV2310	.....C-----	375
CI51	.....CA-----	369
IC144	.....T-----T-----	375
DJ258	.....G-----C-----	375
TN238	.....G-----A-----	384
UG266	.....-T-----AA-----A-----A-----G--	384
CONSENSUS-B	.....gcacagcaagcaGcAgct?????gaCaCA...GgAaac?????????agcAgccAggTc	382
SF2	.....GCAGCT-G-----	390
BZ167	.....A...GCT--G-----C-----	387
PH153	.....G-----T-----T	384
PH136	.....AG-----	384
TB132	.....A-----A-----T	384
BZ190	.....A-----A-----	384
LAI	.....C-----	384
HXB2R	.....C-----AT-----	384
MN	.....AGAGGAAAC-----A-----	393
JH31	.....A-----	384
JRCSF	.....	384
JRFL	.....G-----	378
OYI	.....A-----	384
NY5CG	.....	384
NL43	.....A-----	384
CDC41	.....	384
HAN	.....A-----G-----A--A--	384
CAM1	.....G-----G-----	384
RF	.....G-----G-----	384
D31	.....C--CG-----G-----A-----	384
UG280	.....A-----G-----G-----	384
YU2	.....	384
BCSG3C	.....	384
P896	.....T-----	384
3202A12	.....	384
3202A21	.....	384
GAG46	.....G-----	384
MANC	.....C-----	384
GAG314	.....A-----A-----	384
GAG22	.....G-----A-----A--A--	384
GAG15	.....T-----G-----A-----	384
WEAU160	.....A-----A--A--	384

HIV1 GAG

CONSENSUS-C	.....ACAcagcagGcAaaAgcg...gctGAC???.GGAAAg.....GTC	374
UG268	.....-A-C--T.....AAA.....	369
SM145	.....	375
ZAM18	.....-C.....	381
ZAM19	.....-A.....-A.....	375
ZAM20	.....-A.....-A.....	375
DJ259	.....-A---G-A-A.....AAG.....	378
VI313	.....-GC---.....AAT.....	378
CONSENSUS-D	?.....gcACAGCAAGcAaCAGCT.....GAcaca...agaaac.....AgCAGCCAGGTC	383
ELI	.....-G-----G-----G-----A-----	384
Z226	.....-G-----G-----G-G-----A-----	387
NDK	.....A-----G-----T.....	375
VI205	.....-G-----AG-----	387
G109	A.....-A-----	393
K31	.....-A-----	384
UG274	.....	384
UG270	.....	384
SE365	.....-T-----T---G-----A-----	384
VI203	.....	384
CONSENSUS-F	.....acAcAGCAag?ggCAGCT.....gACAAA...GGg.....GTC	370
VI174	.....-G-----A-----	369
VI69	.....-A-----T-----	372
BZ162	.....-A-----C-----	371
VI325	.....G-----AAA-----A-----	372
BZ163B	.....-A-----C-----	372
CONSENSUS-G	.....A?ACAgcaGgca?????.gA??AA...GGAAAC.....AgcAgcCaAGTC	347
LBV217	.....-T-----TA-----G-----A-----	378
VI191	.....-C---AAC-----GG-----T-----	375
JV831	.....-T-----GCAAAG.....A-TG-----T-A-C-----	113
CONSENSUS-H	.....ACACAGCA?GCAACAG?T.....GATAA?...G?AAA?...G?CAA?AAG?TC	342
VI525	.....-A-----C-----G....-A--A.....-A--A--G--	384
VI557	.....-G-----G-----A...-G--T.....-G--C--A--	384
CONSENSUS-O	.GC?GA?GCCGCTAAGGAA.....GA?ACA.....AGC.....?C?AGGCAG?C?	336
ANT70	..-G--C-----C-----G-A-----G-G	378
MVP5180	..-A--G-----A-----C-T-----A-A	378
CONSENSUS-A	?????????acacagcaggCaGcaGCT.....g?cACA...ggaAgC???.agcagcaa?gtc	379
AD_K124	.....-A-----A-----A-----G---	384
AD_MAL	GGCAGCAGCTG-----C-----AA--A-----GT---	402
AD_CI32	AGCAGCAGCTG-C...-A-----C-----AAT.....	390
AD_G141	.....-C-----G-----GTAC-	372
AG_VI354	.....-C-----A--A-----G---	384
AG_LBV105	.....-A-----A-----A--G-G-	384
BF_BZ200	.....G-----A-C-----A-----A-----G---	384
CONSENSUS-CPZ	TA?C??A??????G??AGG??????C????????????????????????????????????	212
CPZGAB	--A-TC-GGAAGCC-TGA--GGGAGCCAGT-AAGGCCTAGTGCCCTGTGCTGGCATT.....	408
CPZANT	--G-CA-ACCGCAA-CAG--CATGCTTCTG-GGCTGCTCTGTAAACAAACAGTGGTGTCTAGCGACAT	420

# HIV1 GAG

	p17 \ / p24	
CONSENSUS-A	??????????AGcCAaAATtACCcTATAGTgCAaAAtgcacAagGgCAAatgatAcatCAG?cctTaT	436
U455	.....-T-----C-----CCAG--C--G-----	430
BZ126B	.....-T-G-----C-----G--C--G--A--	436
IBNG	.....-----CA-----C-----T--A-G-	433
VI59	.....-----C-----AG--C--G-----	442
VI310	.....-T-T-C-----C-----G--C--T-----	439
VI57	.....-----C-----G--G-----	442
K112	.....-----C-----AA--G-----	442
K88	.....-----A--G-----	442
K29	.....-----C--C--T--G-----	442
K7	.....-----G-----A-----C--AA--G-----	442
K98	.....-----C--AA--G-----	442
K89	.....-----T--A--G-----	442
VI32	.....-----T-----	442
VI415	.....-----G-----C--G--A--	442
CI4	.....-T-----G-----C--T--A--	436
LBV23	.....-----C-----G-T-----	442
TN2431	.....-----G-----C-T-----	442
TN245	.....-----GC-----C-T-----	442
TN240	.....-----GC-----C-T-----	442
CI20	.....-----C-----T--A-G-----	418
CI59	.....-----A-----C-----C--A-G-----	433
LBV2310	.....-----C--A-G-----	433
CI51	.....-T-----C-----T--A--	427
IC144	.....-----C-----C--A--	433
DJ258	.....-----G-----G-----C--A-G-----	433
TN238	.....-----G-----C-T-----	442
UG266	.....-T-----C-----A--A-A-----C-T-C--G--G-----	442
CONSENSUS-B	.....AGCCaaAATTACCcTATAGTgCagAAccTccAGGGgCAAATGGTACATCagCCaTaT	440
SF2	.....-A-----	448
BZ167	.....A-G--A-----	445
PH153	.....A-----	442
PH136	.....A-----C-----	442
TB132	.....A-TA-G-----	442
BZ190	.....A-A--A-----	442
LAI	.....A-----	442
HXB2R	.....A-----	442
MN	.....-C-----A-G-----	451
JH31	.....A-----	442
JRCSF	.....G-----	442
JRFL	.....A-G-----	436
OYI	.....A--T-----C-----	442
NY5CG	.....-----	442
NL43	.....-----	442
CDC41	.....-T-----	442
HAN	.....A--A--A-----	442
CAM1	.....A-----	442
RF	.....-T-----A-----	442
D31	.....-----C-----	442
UG280	.....A--A-----	442
YU2	.....-A-----	442
BCSG3C	.....-G-----A-----	442
P896	.....A-----C-----	442
3202A12	.....-A-----	442
3202A21	.....A-----C-----	442
GAG46	.....A-----C--C-----	442
MANC	.....-C-----T-----	442
GAG314	.....-C-----	442
GAG22	.....-----	442
GAG15	.....-T-----A-----	442
WEAU160	.....A--A-----C-----	442

	p17 \ / p24	
CONSENSUS-C	.....AGTCAAATtAtCCTATAGTgCAGaATCTcCAAGGGCAAATGgTACAcCAGgCCaTaT	432
UG268	.....-----C-----	427
SM145	.....-----	433
ZAM18	.....-C-----A-----	439
ZAM19	.....-C-----	433
ZAM20	.....-T-----A-----T-----T-----	433
DJ259	.....-T-----A-----C--C--	436
VI313	.....-----A-----C---G-	436
CONSENSUS-D	.....AGCCAAAATtAtCCTATAGTgCAaAACcTaCAGGGGCAaATGGTACAcCAGgCcCaTaT	441
ELI	.....-----G-----T-----	442
Z226	.....-----G-----T-----	445
NDK	.....-C-----G-----T-----	433
VI205	.....-----G-----A-----T-----	445
G109	.....-----G-----T-----C-G-	451
K31	.....-----T-----G-	442
UG274	.....-----	442
UG270	.....-A-----T-----	442
SE365	.....-C-----A--C--	442
VI203	.....-C-----G-----C--	442
CONSENSUS-F	.....AGTCaAaATTACCCTATAGTACAgAATcTtCAGGGaCAAATGGTACatCAG?CcaTAT	427
VI174	.....-G-----A-----G-T--	427
VI69	.....-----A-----C--G--	430
BZ162	.....-----T-T--	429
VI325	.....-A-G---G---C--C--C--	430
BZ163B	.....-----T-----	430
CONSENSUS-G	.....AG?CAAATTAtCCTATAGTGCAGaAatgcaCAAGGGCAAatG?TACAcCAG?CCaTAT	402
LBV217	.....-C-----G-----C-----	436
VI191	.....-T-----G-----C--T--A	433
JV831	.....-C-----A---T--G-----	171
CONSENSUS-H	.....AGTCAAATTATCC?ATAGTACA?AATGCCCAAGG?CAG??GGTACACCAGGCCATAT	395
VI525	.....-C-----G-----G--AT--	442
VI557	.....-T-----A-----A--CC--	442
CONSENSUS-O	.....?GTCAAATTACCCTATAGTA?CAAATGC?CAGGGACAAATGGTACATCA?GCCATCT	390
ANT70	.....G-----T-----G-----G-----	436
MVP5180	.....A-----A-----A-----A-----	436
CONSENSUS-A	????????????AGcCAaAAtTACCCTAtAGTgCAaAAtgcacAagGgCAAatgatAcacCAG?cctTaT	436
AD_K124	.....-----C---AGT--G-	442
AD_MAL	.....-T-----C-----G-A--	460
AD_CI32	.....-----CCT--G-----G--C--G--C--	448
AD_G141	.....-T-----C-----G-----G--A--	430
AG_VI354	.....-T-----C-----G-----G--A-G-	442
AG_LBV105	AGCCAAAATGTC-----T-----G--C--C-TG--	454
BF_BZ200	.....-----G--CTT--G--A-----G-----G--A--	442
CONSENSUS-CPZ	????????????G??GAAATTACCC?TC?TA????ATGC??AGG????????GCATCAG?C?T??	244
CPZGAB	.....A-TG-----C--G--CAAA---TCA---GCAGATGGT-----G-CA-CT	466
CPZANT	CTTAGTGCGAAG-GA-----A-A--GTGG---AGG---AATAGCAAG-----C-AC-GA	490

HIV1 GAG

CONSENSUS-A	CACcTAggACttTgaAtGCATgGGTgAAaGtaaTAGAagAaAagGcTTTcAgcCcAGAAgTaATACCCAt	506
U455	-----C-----G-----C-----	500
BZ126B	-----A-----C-----G-----G-----	506
IBNG	-----A-----A-----A-----G-----	503
VI59	-----A-----C-----A-----C-----A-----G-----	512
VI310	-----G-----G-----G-----	509
VI57	-----G-----	512
K112	-----A-----	512
K88	-----A-----	512
K29	-----A-----	512
K7	-----A-----A-----A-----T-----	512
K98	-----A-----A-----A-----A-----	512
K89	-----A-----A-----A-----	512
VI32	-----T-----C	512
VI415	-----A-----	512
CI4	-----A-----	506
LBV23	-----C-----CC-----C-----T-----	512
TN2431	-----A-----A-----G-----G-----T-A-----	512
TN245	-----A-----G-----G-----T-A-----	512
TN240	-----A-----G-----G-----G-----T-A-----	512
CI20	-----G-----G-----	488
CI59	-----A-----G-----	503
LBV2310	-----G-----	503
CI51	-----A-----G-C-----G-----T-----	497
IC144	-----A-----G-----	503
DJ258	-----G-----G-----	503
TN238	-----A-----A-----G-----A-----G-----T-A-----	512
UG266	-----C-----A-----A-----A-----G-----G-----	512
CONSENSUS-B	CACcTAGAActTTAAATGCATGGGTAAAAGTAgTaGAAGAgAAGGcTTcAGCCCaGAaGTaATACCCaAT	510
SF2	-----A-----	518
BZ167	-----GA-----	515
PH153	-----	512
PH136	-----	512
TB132	-----A-----G-----	512
BZ190	-----A-----	512
LAI	-----G-----	512
HXB2R	-----G-----	512
MN	-----	521
JH31	-----T-----	512
JRCSF	-----A-----C-----	512
JRFL	-----C-----	506
OYI	-----	512
NY5CG	-----	512
NL43	-----	512
CDC41	-----A-----T-----	512
HAN	-----G-----	512
CAM1	-----	512
RF	-----T-----	512
D31	-----	512
UG280	-----T-----	512
YU2	-----G-----G-----	512
BCSG3C	-----C-----	512
P896	-----	512
3202A12	-----G-----	512
3202A21	-----	512
GAG46	-----A-----T-----	512
MANC	-----	512
GAG314	-----	512
GAG22	-----	512
GAG15	-----A-----A-----	512
WEAU160	-----A-----A-----	512

# HIV1 GAG

CONSENSUS-C	CACCTAGAACTTTGAATGCATGGGTAAAAGTAATAGAgGagAAgGcTTcAGCCcagag?TAATACCCAT	501
UG268	-----A-----G-----	497
SM145	-----C-----A-----C-T-----G-A-----	503
ZAM18	-----GA-A-C-T-----A-----	509
ZAM19	-----A-----G-----NA-----	489
ZAM20	-----A-----AGAG-A-----	503
DJ259	-----AG-----	506
VI313	-----G-----G-----G-----	506
CONSENSUS-D	CACCTAGAACTTTgAAcGCATGGGTaaAAGTAATAGAAgA?AAGGctTTcAgcCCaGAaGTaAtACCCAT	510
ELI	-----A-----	512
Z226	-----A-----	515
NDK	-----A-----C-----G-----	503
VI205	-----A-T-----G-----A-----C-----G-C-----	515
GI09	-----G-----A-----G-----	521
K31	-----G-C-----G-G-----T-----	512
UG274	-----T-----G-G-----T-----	512
UG270	-----G-G-----T-----	512
SE365	-----G-----C-----G-A-----G-----	512
VI203	-----G-A-----AT-----	512
CONSENSUS-F	CACCTAGAACTTTAAATGCATGGGTaaAagGTgATAGAAGAgAAgGCTTTtAGcCCAGAAGTAATACCCAT	497
VI174	-----A-----	497
VI69	-----T-----	500
BZ162	-----	499
VI325	-----G-A-A-----A-----C-----	500
BZ163B	-----	500
CONSENSUS-G	CACCTAG?ACTTTgAATGCATGGGTAAAAGTAgTAGAAGAAAAGgcCTTCAGTCCAGAAGTAATACCCAT	471
LBV217	-----G-A-----	506
VI191	-----A-----A-----AA-----	503
JV831	-----G-----G-----	241
CONSENSUS-H	CACCTAGGACCTTAAATGCATGGGTAAAAGTAGTAGAAGA?AAGGCTTTTAGCCAGAAGTAATACC?AT	463
VI525	-----A-----T-----	512
VI557	-----G-----C-----	512
CONSENSUS-O	CCCCAGGACTTTAAATGCATGGGTAAAGGCAGTAGAAGA?AA?GCCTTTAACCCCTGAAAT?ATTCCTAT	457
ANT70	-----A-A-----C-----	506
MVP5180	-----G-G-----T-----	506
CONSENSUS-A	CACcTAggACtTgAtGCATgGGTgAAaGtaaTAGAagAaAagGcTTTcAgcCcAGAaGTaATACCCAt	506
AD_K124	-----C-----A-----	512
AD_MAL	-----G-----	530
AD_CI32	-----A-----G-----G-----	518
AD_G141	-----A-----	500
AG_VI354	-----A-----A-----A-G-----T-----	512
AG_LBV105	-----A-AG-----A-G-G-----G-G-----A-----	524
BF_BZ200	-----A-A-----A-G-----G-----G-----	512
CONSENSUS-CPZ	CACC?AGAACCTT?AATGC?TGGGTAAA?G?GTAGA?GA?AA?TT?A?CC?GA?GT?AT?CC?AT	293
CPZGAB	-----C-----G-----A-----AGTG-----G-A--GGCA--T-GC--T--G--A--A--A--	536
CPZANT	-----A-----A-----C-----GTGT-----A-G--AAAT--C-AT--A--A--C--C--T--	560

# HIV1 GAG

CONSENSUS-A	GTTTctCaGcatTaTCAGAgGGaGcCACccCaCAagAttTAAAtatgATGcTAAAcATAGTggggGGaCAc	576
U455	---T-----G--TG-----	570
BZ126B	---T-----C-----A-----C-----CT-----C-----T	576
IBNG	---T-----G-----	573
VI59	---A-----A-----TG--A--A-----	582
VI310	---T-----G--T--A-----	579
VI57	---A-----G-----G-----G---	582
K112	---G-----A-----	582
K88	---A-----G-----	582
K29	---A-----G-----T	582
K7	---T-----A-----G--G--A-----	582
K98	---T-----A-----G--G-----	582
K89	---A-----G--T-----	582
VI32	---G--A-----T-----	582
VI415	---A-----T-----G--A-----	582
CI4	---T-----A-----G--T-----	576
LBV23	---A-----G-----	582
TN2431	-----T-----	582
TN245	-----T-----	582
TN240	-----T--T-----	582
CI20	---TA-----	558
CI59	---TA-----G-----	573
LBV2310	---T-----G-----	573
CI51	---T-----G-----	567
IC144	---T-----G-----	573
DJ258	---TA-----C-----	573
TN238	-----T-----	582
UG266	---T-----A-----T-----G--TG--A-AA-----	582
CONSENSUS-B	GTTTtCAGCATTatCAGAAGGaGCCAccCCaCAAGATtTAAAcACcATGcTAAACACaGTGGGGGGACat	580
SF2	-----T-----C	585
BZ167	-----T-----C	582
PH153	-----T-----	582
PH136	-----T-----	582
TB132	-----G-----	582
BZ190	-----G-----	582
LAI	-----	582
HXB2R	-----	582
MN	-----G-----	591
JH31	-----G-----	582
JRCSF	-----	582
JRFL	-----	576
OYI	---G-----C-----	582
NY5CG	-----T-----	582
NL43	-----T-----	582
CDC41	---G-----C-----	582
HAN	-----	582
CAM1	-----	582
RF	-----	582
D31	-----	582
UG280	-----	582
YU2	-----C	582
BCSG3C	-----	582
P896	-----	582
3202A12	-----G-----	582
3202A21	-----	582
GAG46	-----T--C-----	582
MANC	-----T--T-----	582
GAG314	-----	582
GAG22	-----A-----	582
GAG15	---G-----T-----	582
WEAU160	-----	582

HIV1 GAG

CONSENSUS-C	GTTTACAGCATTATCAGAAGGAGCCACCCCaCAAGATtTaAACACCATGtTAAATACAGTgGGGGGACat	571
UG268	-----C-----	567
SM145	-----G-----	573
ZAM18	-----	579
ZAM19	.....	489
ZAM20	-----C-----C	573
DJ259	-----	576
VI313	-----G-----A-----	576
CONSENSUS-D	GTTTtCAGCAtTaTCAGAAGGAGCCACcCCACAaGATtTAAAcACCATGcTAAAcACaGtGGGGGGaCAT	580
ELI	-----	582
Z226	-----T-----	585
NDK	-----	573
VI205	-----T-----G-----	585
GI09	---G---G-----C-----T---T---C-----	591
K31	-----G-----G-----	582
UG274	---A---G-----	582
UG270	-----G-----	582
SE365	---A---C-----G-----T-----	582
VI203	-----T-----	582
CONSENSUS-F	GTTtTCAGCATTAtCAGAAgGGgGCCActCCACAAGATtTAAAcACCATGcTAAAtACAGTGGGGGGACAT	567
VI174	---C-----C-----	567
VI69	-----A-----C-----	570
BZ162	-----T-----	569
VI325	---G---T---A-----C-----	570
BZ163B	-----T-----T-----	570
CONSENSUS-G	GTTTTCAGCATTATCAGAaGGaGCCACcCCACAAGATtTAAAtAcCatGctAAA?ACAGTGGGGGGgCAT	540
LBV217	-----T-----C-----T-----A---	576
VI191	-----C-----	573
JV831	---G---T-----T-----	311
CONSENSUS-H	GTTTTCAGCATTATCAGAAGGAGCCACCCACAAGA?TTAAATGCCATG?TAAATA?AGTGGGGGG?CAT	529
VI525	-----C-----C-----C-----G---	582
VI557	-----T-----T-----T-----A---	582
CONSENSUS-O	GTT?ATGGCATT?TCAGA?GG?GC??T??CCTATGATAT?AATAC?ATGCT?AATGCCATAGG?GGACA?	514
ANT70	---C-----G---G---A---AA-TT-----T---T---A-----A---T	576
MVP5180	---T-----A---A---G---TG-CC-----C---C---G-----G---C	576
CONSENSUS-A	GTTtCaGcatTaTCAGAgGGaGCcACccCaCAagAttTaAAtatgATGcTaAAcatAGTggggGGaCac	576
AD_K124	-----A-----G-----	582
AD_MAL	-----G-----G-----T---A-----	600
AD_CI32	---TA-----A-----G-----C-CC---T---C---A-----	588
AD_G141	-----A-----G-----T---A-----	570
AG_VI354	-----A---C-----A-----TAAA---T	582
AG_LBV105	-----T-----G-----	594
BF_BZ200	---T-----A-----C-CC-----C-----T	582
CONSENSUS-CPZ	GTTTTC?GCT?TATCAGA?GG?GC??T??CCTCA?GAT?T?AACACCATG?T?AATGCAGT?GGGG??CAT	347
CPZGAB	-----A---C-----G---A---CTTA-----G---G---T-----T---A-----A---GA---	606
CPZANT	-----T---T-----A---G---AACT-----T---T---A-----C---T-----T---AC---	630

# HIV1 GAG

CONSENSUS-A	CAGGCAGCtATGCAaATGtTaAAagAtaCcATcAATGagGAaGCTGCAGaaTgGGACA Gg? tACAtCCAG	645
U455	-----G-----T-----	640
BZ126B	--A-----T-----G-----G-----	646
IBNG	-----A-----G-----T-----G-----	643
VI59	-----A-----A-----T-----	652
VI310	-----C-----G-----	649
VI57	-----T-----	652
K112	-----T-----	652
K88	-----T-----	652
K29	-----T-----	652
K7	-----C-----A-----A-----T-----	652
K98	-----C-----A-----T-----T-----	652
K89	-----T-----	652
VI32	-----G-----G-----T-----	652
VI415	-----A-----T-----	652
CI4	--A-----G-----G-----G-----	646
LBV23	-----T-----G-----G-----	652
TN2431	-----A-----A-----T-----G-----C-----	652
TN245	-----A-----A-----T-----G-----C-----	652
TN240	-----A-----A-----T-----G-----C-----	652
CI20	--A-----A-----G-----A-----G-----	628
CI59	-----A-----G-----G-----	643
LBV2310	-----A-----AG-----	643
CI51	-----A-----G-----G-----AAC-----	637
IC144	-----A-----G-----G-----G-----	643
DJ258	-----A-----G-----G-----	643
TN238	-----A-----A-----T-----G-----C-----	652
UG266	-----C-----G-----A-----A-----T-----	652
CONSENSUS-B	CAAGCAGCcATGCAaATGtTAAAAGAgACcATCAATGAGGAaGCTGCAGAA TgGGATAGAtTgCAtCCAG	650
SF2	-----T-----G-----	658
BZ167	-----T-----	655
PH153	-----	652
PH136	-----	652
TB132	-----	652
BZ190	-----	652
LAI	-----G-----	652
HXB2R	-----G-----	652
MN	-----	661
JH31	-----A-----	652
JRCSF	-----T-----C-----A-----	652
JRFL	-----C-----	646
OYI	-----	652
NY5CG	-----	652
NL43	-----	652
CDC41	-----	652
HAN	-----A-----C-----	652
CAM1	-----	652
RF	-----T-----	652
D31	-----	652
UG280	-----	652
YU2	-----	652
BCSG3C	-----T-----	652
P896	--G-----G-----G-----	652
3202A12	-----G-----G-----	652
3202A21	-----	652
GAG46	-----T-----	652
MANC	-----T-----A-----A-----	652
GAG314	-----	652
GAG22	--G-----	652
GAG15	-----G-----C-----A-----	652
WEAU160	-----A-----	652

HIV1 GAG

CONSENSUS-C	CAAGCAGCCATGCAaATGTtAAAAAGAtACcATCAATGAGGAGGCTGCAGAATGGGATAG?tTACATCCAG	640
UG268	-----C-----G-----	637
SM145	-----A-----	643
ZAM18	-----G-----A-----	649
ZAM19	.....	489
ZAM20	-----C-----AA-----	643
DJ259	-----G-----	646
VI313	-----A-----G-----	646
CONSENSUS-D	CAaGCAGCcATGCAAATGtTAAAaGAgACCATCAaTGAgGAAGCTGCAGAATGGGAtAGgcTACATCCAG	650
ELI	-----C-----A-----T-----	652
Z2Z6	-----C--G-----T-----	655
NDK	---T---T---C-----C-----C-AT-----	643
VI205	--T---T---C-----T-----	655
G109	-----T-----	661
K31	-----	652
UG274	-----A-----G-----	652
UG270	-----	652
SE365	-----A-----AT-----	652
VI203	-----	652
CONSENSUS-F	CAaGCAGCcATGCAAATGtTAAAAGAcACcATCAATGAGGAaGCTGCAGAATGGGAcAGaTTACAtCCAG	637
VI174	-----T-----	637
VI69	--G-----T-----	640
BZ162	-----	639
VI325	---T---T---T---G-----G---C---	640
BZ163B	-----C-----	640
CONSENSUS-G	CAAGCAGCTATGCAAATGctAAAGGATActATCAATGAgGAaGCTGCAGAGTGGGAcAGGATACATCCAC	610
LBV217	-----T-----	646
VI191	-----G-----	643
JV831	-----T-----	381
CONSENSUS-H	CAAGCAGCCATGCAAAT??TAAAAGATACAATCAATGAGGAAGCTGCAGAATGGGATAGG?tTACATCCAG	596
VI525	-----AC-----C-----	652
VI557	-----GT-----G-----	652
CONSENSUS-O	CAAGG?GCTTTACAAGTG?T?AAGGAAGTAATCAATGAGGAAGCAG?AGA?TGGGATAGAACTCA?CCAC	578
ANT70	---A---C-A-----T---G-----C---	646
MVP5180	---G---T-G-----C---A-----T---	646
CONSENSUS-A	CAgGCAGCtATGCAaATGtTaAAagAtaCcATcAATGagGAaGCTGCAGaaTgGGAcAGg?tACAtCCAG	645
AD_K124	-----A-----T-----	652
AD_MAL	-----C-----G-----	670
AD_CI32	--A---C-----T-AG-----	658
AD_G141	-----C-----AC-----	640
AG_VI354	-----A-----	652
AG_LBV105	-----AC-----	664
BF_BZ200	--A---C-----A---A---T-AT-G-----	652
CONSENSUS-CPZ	CAAGGAGCCATGCA?GTGCTAAA?GAAGT?AT?AATGAGGAAGC?GC?GAGTGGGAT?G?TTACA?CCCA	408
CPZGAB	-----A-----G-----C-T-----C-C-----C-C---T---	676
CPZANT	-----G-----A---A---C-----A-T-----A-G---C---	700

# HIV1 GAG

CONSENSUS-A	TaCatGCAGGGCCTattcCaCcagGcCAgATgAGaGAACCAaggGGaAGtGacATAGCAGGaacTACTAG	715
U455	-G-----	710
BZ126B	-----	716
IBNG	-----G-----	713
VI59	-G---A-----AA-----	722
VI310	---G---G-----	719
VI57	-----A-----G-----	722
K112	-----	722
K88	-----	722
K29	-----	722
K7	-----C-----A-----	722
K98	-----	722
K89	-----A-----	722
VI32	-----A-----	722
VI415	-----A-----	722
CI4	-----T-----	716
LBV23	---G---TA---C---G---	722
TN2431	-----G-----	722
TN245	-----T---G---	722
TN240	-----G-----	722
CI20	---C-----	698
CI59	---G---G-----G---	713
LBV2310	-----G-----	713
CI51	-----G-----GT-----	707
IC144	-----G-----	713
DJ258	-----A---G---	713
TN238	-----G-----	722
UG266	-G--A--A-----T-----A-----	722
CONSENSUS-B	tgCAtGCAGGGCCTaTTgCaCCAGGcCAgATGAGAGaCCAAGGGGaAGTGACATAGCAGGaaCtACTAG	720
SF2	-----A-----	728
BZ167	-----A-----	725
PH153	-----	722
PH136	-----G---G---	722
TB132	-----	722
BZ190	-----	722
LAI	-----	722
HXB2R	-----	722
MN	-----A-----	731
JH31	C---G-----	722
JRCSF	-----G-----	722
JRFL	-----A-----	716
OYI	-A-----	722
NY5CG	-----	722
NL43	-----	722
CDC41	-----	722
HAN	-----	722
CAM1	-----	722
RF	-----T-----C-----	722
D31	-----	722
UG280	-----G-----	722
YU2	-----	722
BCSG3C	---A---G---	722
P896	---G---G---	722
3202A12	-----	722
3202A21	-----	722
GAG46	-----G-----G-----	722
MANC	-A-----G-----	722
GAG314	-----G-----G-----T-----	722
GAG22	-A-----	722
GAG15	-A-----G-----	722
WEAU160	-----	722

HIV1 GAG

CONSENSUS-C	T?CATGCAGGGCCTgttGCACCAGGCCAAaTgAGAGAAcCAAGGGGAAGTGACATAGCAGGAActACTAG	709
UG268	-G-----	707
SM145	-A--G-----C-----	713
ZAM18	-A-----AA-----T-----	719
ZAM19	.....	530
ZAM20	-A-----	713
DJ259	-G-----A-----	716
VI313	-G-G-----C-----A----G-----	716
CONSENSUS-D	tgCATGCAGGgCCTaTTGCACCAGGcCagATGAGAGAAcCAAGGGGAAGTGATATAGCaGGAActActAG	720
ELI	-----	722
Z226	-----	725
NDK	-----G-----A-----	713
VI205	-----	725
G109	-----	731
K31	C-----A-----A-----	722
UG274	-----A-----A-A-----C-----	722
UG270	-A-----A-----G-----C--	722
SE365	-----	722
VI203	-----	722
CONSENSUS-F	tGCAGGCAGGgCCTATcCCACCAGGCCAGATaAGgGAACCTAGGGGaAGTGAtATAGctGGAActACTAG	707
VI174	-----C-----	707
VI69	---T-----A-----G-----	710
BZ162	C-----A-----	709
VI325	---T-----G-A-----G-----A-----C--	710
BZ163B	-----A-----	710
CONSENSUS-G	?aCAGGCAGGgCCTATTcCACCAGGcCagATAAGaGA?CCaAGgGGAAGTGATATAGCAGGaACTACTAG	678
LBV217	A-----C-----G-----	716
VI191	C-----A-----G--A--G--	713
JV831	AG-----A-----A-----G--T--T-----	451
CONSENSUS-H	TGCATGCAGGGCCTATTCCACCAGGCCA?ATGAGAGAACCAAGGGGAAG?GATATAGCAGGAActACTAG	664
VI525	-----A-----C-----	722
VI557	-----G-----T-----	722
CONSENSUS-O	CA?C??T?GGGCCGTT?CCACCAGGGCAGATAAGGGAACCAACAGGAAGTGACATTGCTGG?ACAActAG	642
ANT70	--C-GG-A-----G-----G-----	716
MVP5180	--G-AA-G-----A-----A-----	716
CONSENSUS-A	TaCatGCAGGCCTattcCaCcagGcCagaTgAGaGAACCAAggGgaAGtGAcATAGCAGGaacTACTAG	715
AD_K124	-----C-----A-----	722
AD_MAL	-----C-----A-----	740
AD_CI32	-----G-----T-----	728
AD_G141	-----GC-----A-----	710
AG_VI354	---G-----A-T--A-----T-----	722
AG_LBV105	---G-----	734
BF_BZ200	-G-----G-----	722
CONSENSUS-CPZ	CTCATGC?GG?CC??TA????CAGGACA??TAAGGGA?CCAA??GG?AGTGATATAGCAGGGAC?AC?AG	462
CPZGAB	-----T--T--GA--GCCC-----GC-----G---GG--T-----C--C--	746
CPZANT	-----A--A--AG--CAGG-----AT-----A---CA--A-----A--A--	770



CONSENSUS-C	TAcCCTTCAGGAACAaATAgcaTGGATGACAa?T.....AACCCaCCTaTTCCAGTgGGAGAcATC	769
UG268	-----A-----AAT-----G-----A---	768
SM145	-----G-----G-----G-----G-----	774
ZAM18	-----G-----A-----G-----G-----	780
ZAM19	-----G-----A-----G-----G-----	591
ZAM20	-----GC-----G-----G-----A---	774
DJ259	--A-----G-----C-----A-----	777
VI313	-----A-----A-----A-----A-----	777
CONSENSUS-D	TAcCCTTCAGGAaCAAaTAG?aTGGATGACAagc.....AAtCCaCCTATCCAGTAggAgAAATc	780
ELI	-----C-----T-----C-----C-----	783
Z226	-----C-----C-----C-----C-----	786
NDK	-----C-----C-----C-----C-----	774
VI205	-----C-----C-----C-----AA-A-----	786
G109	-----CC-----GC-----A-----A-----	792
K31	-----G-----G-----A-----A-----	783
UG274	-----G-----G-----G-----G-----	783
UG270	--T-----G-----G-----G-----	783
SE365	-----G-----AT-----C-----C-----	783
VI203	-----G-----T-----T-----T-----	783
CONSENSUS-F	tACCCTTCAGGAACAAATaAGATGACAAGc.....AAcCCACCTgTCCAGTGGGAGAAATC	768
VI174	-----A-----A-----A-----A-----	768
VI69	-----G-----T-----A-----C-----	771
BZ162	-----C-----C-----C-----C-----	770
VI325	C-----AC-----A-----A-----	771
BZ163B	-----C-----C-----C-----C-----	771
CONSENSUS-G	TACCCT?CAGGAACAAATaAGATGACCAGc.....AAtCCACCTATCCAGTgGGAGAAATt	738
LBV217	-----G-----G-----G-----G-----	777
VI191	-----A-----C-----T-----C-----	774
JV831	-----G-----C-----C-----C-----	512
CONSENSUS-H	TACCCTTCAGGAACAAATAGCATGGATGACA?GC.....AATCC??CTATCCAGTGGGAGACATC	722
VI525	-----G-----AG-----G-----G-----	783
VI557	-----A-----CC-----C-----C-----	783
CONSENSUS-O	CAC?CAGCAAGAGCAAAT?T??TGGACTAC?AG?..??C?AAC??CTATCCAGTAGGAGACATC	694
ANT70	---C-----CAC-----C--G.....C-C--CAAC-----	780
MVP5180	---A-----ATA-----T-A...GGGG-T---...T-----	780
CONSENSUS-A	tAcCctTcaaGAACAAaTaggaTgGATgACaagc.....AAtCCACctatCCCaGTgGGagAcATc	776
AD_K124	-----C-----T-----C-----C-----	783
AD_MAL	-----C-----C-----C-----C-----	801
AD_CI32	-----G-----C-----A-----C-----G-A-----A---	789
AD_G141	-----C-----C-----C-----C-----A---	771
AG_VI354	-----AC-----G-----A-----A-----A-A---	783
AG_LBV105	-----A-----T-----C-----G-----G-----	795
BF_BZ200	-----G-----AT-----A-----A-----A---	783
CONSENSUS-CPZ	CACA?TGcAGGA?CA?AT?T??TGGa??CA?CA?AAT?TCCcAGTAGGGGA?T?	502
CPZGAB	----C-----A-A--TGGG---CAA--G-----CCTCCA-----TG-T	807
CPZANT	----G-----G--G--GCAA---TGT--A--CCTCAACAG---GGAGGAG-----CA-C	840

# HIV1 GAG

CONSENSUS-A	TATAAaAgaTggATAaTccTgGGatTAAATAAaATAGTaAGaATGTATAGcCCTgttAGCATttTgGAcA	846
U455	-----G-----	841
BZ126B	-----C-----	847
IBNG	-----G-----G-----C-----	844
VI59	-----G-----A-----A-----G	853
VI310	-----G-----C-----	850
VI57	-----	853
K112	-----T-----	853
K88	-----TG-----	853
K29	-----T-----	853
K7	-----A-----A-----T-----	853
K98	-----T-----	853
K89	-----T-----	853
VI32	-----	853
VI415	-----T-----G-----G-----AC-----C-----TG	853
CI4	-----G-----G-----	847
LBV23	-----G-A-----A-----G-----A-----	853
TN2431	-----G-----A-----	853
TN245	-----G-----	853
TN240	-----G-----	853
CI20	-----G-----T-----C-----	829
CI59	-----G-T-----C-----C-----	844
LBV2310	-----G-T-----C-----	844
CI51	-----A-----G-----C-----	838
IC144	-----G-----C-----	844
DJ258	-----C-----	844
TN238	-----G-----A-----	853
UG266	-----G-A-----A-C-----A-----	853
CONSENSUS-B	TAtAAaAGaTgGATAATccTgGGaTTAAATAAaATAGTAAGaATGTATAGcCctaccAGcATTcTgGAcA	851
SF2	-----	859
BZ167	-----G-----T-----T-----	856
PH153	-----A-----G-----T-----T-----	853
PH136	-----TA-----G-----T-----T-----	853
TB132	-----C-----A-----G-----T-----	853
BZ190	-----A-----	853
LAI	-----	853
HXB2R	-----	853
MN	-----G-----T-----	862
JH31	-----G-----T-----	853
JRCSF	-----G-----G-----GT-----	853
JRFL	-----G-----G-----	847
OYI	-----	853
NY5CG	-----	853
NL43	-----	853
CDC41	-----C-T-----A-----	853
HAN	-----G-----T-----	853
CAM1	-----T-----	853
RF	-----G-----T-----C-T-----	853
D31	-----	853
UG280	-----T-----G-----T-----	853
YU2	-----T-----	853
BCSG3C	-----G-----T-----T-T-----	853
P896	-----T-----T-----	853
3202A12	-----	853
3202A21	-----G-----	853
GAG46	-----G-----G-----T-----	853
MANC	-----A-----T-----	853
GAG314	-----A-G-----G-----CG-----	853
GAG22	-----G-----	853
GAG15	-----G-----	853
WEAU160	-----A-----GT-----	853

HIV1 GAG

CONSENSUS-C	TATAAAAAGATGGATAATTCTGGGGTTAAATAAaATAGTaAGAATGTATAGCCCTGTCAGCATTtTgGACA	839
UG268	-----	838
SM145	-----A-----	844
ZAM18	-----C-----	850
ZAM19	-----G-----C-----	661
ZAM20	-----	844
DJ259	-----	847
VI313	-----	847
CONSENSUS-D	TatAAAAGATGGATAATccTgGGATTAATAAaATAGTAAGaAATGTATAGcCCTGTcAGcATtTTGGACA	850
ELI	-----TG-----	853
Z226	-----	856
NDK	-----	844
VI205	-----A-----A-----A-----T-----	856
G109	-----A-----A-----	862
K31	-----C-----A-----	853
UG274	-----A-----T-----A-----	853
UG270	-----A-----	853
SE365	-----G-----T-----	853
VI203	-----T-----	853
CONSENSUS-F	TATAAAAAGATGGATcATCCTaGGaTTAAATAAAATAGTAAGAATGTatAGCCCTGTCAGCATTtTTGGACA	838
VI174	-----	838
VI69	-----	841
BZ162	-----	840
VI325	-----A-----G-----T-----C-----	841
BZ163B	-----	841
CONSENSUS-G	TATAAAAAGATGGATAATCCTGGGaTTAAATAAAATAGTaAGAATGTATAGCCCTgtcagcatttTggaca	808
LBV217	-----G-----	847
VI191	-----C-----T-----	844
JV831	-----G-----C-----	582
CONSENSUS-H	TATAAAAAGATGGATAATCCTGGGATTAATAA?ATAGTAAGAATGTATAG?CCTGTCAGCATTtTTGGACA	790
VI525	-----G-----T-----	853
VI557	-----A-----C-----	853
CONSENSUS-O	TATAGAAAATGGATAGTG?TAGGACTAAACAAAATGGTAAAAATGTACAG?CCAGTGAGCATCTTAGATA	762
ANT70	-----T-----C-----	850
MVP5180	-----C-----T-----	850
CONSENSUS-A	TATAAaaAgaTggATAAaTccTgGGatTAAATAAaATAGTaAGaATGTATAGcCCTgttAGCATttTgGaca	846
AD_K124	-----	853
AD_MAL	-----C-----	871
AD_CI32	-----C-----C-----T-----	859
AD_G141	-----C-----	841
AG_VI354	-----A-----A-----C-----	853
AG_LBV105	-----G-----C-----	865
BF_BZ200	-----A-----G-----ACC-----C-----	853
CONSENSUS-CPZ	TATA??AGATGG?T?AT??T?GG?TTAAA?AA?GTGGT?AG?A?GTAT?G?CCAGT?AG?AT?CT?GA?A	552
CPZGAB	----GA-----G-A--TT-A--G-----C--A-----T--A-T----T-C-----A--T--C--T--C-	877
CPZANT	----AG-----A-C--CA-G--A-----T--G-----C--G-N---A-T----C--C--T--A--G-	910

# HIV1 GAG

CONSENSUS-A	TAAgaCAAgggCCaAAaGAaCCcTTcAgaGAcTATGTagAtAggTTCTtTAAaactcTcAGAGCTgAgcA	916
U455	-----G--T-----A-----	911
BZ126B	-----T-----	917
IBNG	-----T-----T-----T-G-----A--	914
VI59	-----A-----AG-----C-A-----T-----	923
VI310	-----A-----T-----A-----	920
VI57	-----A-----G-----T-----GGT-----	923
K112	-----A-----T-----	923
K88	-----A-----A-----T-----C-----	923
K29	-----A-----T-----	923
K7	-----A-----G-----A-----	923
K98	-----A-----G-----T-----G-----	923
K89	-----A-----T-----	923
VI32	-----A-----A-----A-----A-----	923
VI415	-----A-----T-----T-----	923
CI4	-----T-----TG-----	917
LBV23	-----	923
TN2431	-----A-----G-A--	923
TN245	-----A-----G-A--	923
TN240	-----A-----G-A--	923
CI20	-----A-----T-----T-----T-G-----A--	899
CI59	-----T-----T-----T-G-----AT-	914
LBV2310	-----T-----T-----GT-T-G-----A--	914
CI51	-----G-----T-----T-----T-G-----A--	908
IC144	-----T-----T-----G-----A--	914
DJ258	-----T-----T-----T-G-----A--	914
TN238	-----A-----A-----G-A--	923
UG266	-----A-----T-A--A-----A-----	923
CONSENSUS-B	TAAgaCAAGGaCCaAAgGAAcCcTTTAgAGAcTATGTAGAccGgTTCTAtAAaACTcTAAGAGCCgAgCA	921
SF2	-----T-----A--	929
BZ167	-----	926
PH153	-----	923
PH136	-----A-----	923
TB132	-----G-----	923
BZ190	-----A-----T-----	923
LAI	-----A-----	923
HXB2R	-----	923
MN	-----	932
JH31	-----	923
JRCSF	-----C-----	923
JRFL	-----	917
OYI	-----	923
NY5CG	-----	923
NL43	-----A-----	923
CDC41	-----A-----G-----T-----	923
HAN	-----A-----A-----T-----C-----	923
CAM1	-----G-----A-----A-----T-A--	923
RF	-----T-----	923
D31	-----	923
UG280	-----A-----	923
YU2	-----T-----	923
BCSG3C	-----T-----T-----A-----T-----	923
P896	-----A-----	923
3202A12	-----T-----	923
3202A21	-----T-----T-----	923
GAG46	-----	923
MANC	-----	923
GAG314	-----A-----T-----C-----	923
GAG22	-----	923
GAG15	-----C-----	923
WEAU160	-----A-----T-----	923

HIV1 GAG

CONSENSUS-C	TAAaACAAGGGCCAAAGGAACCcTTTAGAGACTATGTAGAtCGGTTCTTTAAAACtTTAAGAGCTGAACA	909
UG268	-----C-----	908
SM145	-----C-----	914
ZAM18	-----T-----C-----	920
ZAM19	---G-----	731
ZAM20	---G-----C-----	914
DJ259	---G-----T-----C-----	917
VI313	-----	917
CONSENSUS-D	TAAGACAaGGACCAAAGgAACCCcTTTAGAGAcTATGTAGA?CGGTTCTATAAAAACtCtAAGaGCcGAGCA	919
ELI	-----G-----T-----C-----	923
Z226	-----G-----T-----C-----	926
NDK	-----G-----T-----C-----	914
VI205	-----G-----AA-----T-----C-----	926
G109	-----A-----C-----	932
K31	-----T-----T-----T-----	923
UG274	-----T-----G-----	923
UG270	-----A-----T-----A-----G-----	923
SE365	-----A-----T-----T-----	923
VI203	-----T-----	923
CONSENSUS-F	TAAgACAAGGGCCAAAaGAacCCTTTAGAGACTATGTAGACAGgTTcTTtAAAACcCTAAGAGCTGAgcA	908
VI174	-----T-----	908
VI69	-----A-----G-----	911
BZ162	-----G-----	910
VI325	---A-----T-----T-----C-----T-----A---	911
BZ163B	-----G-----G-----	911
CONSENSUS-G	taagacaagggccaaa??	824
LBV217	-----AGAACCCTTTAGAGATTATGTAGATAGGTTCTTTAAAACCTTGAGAGCTGAGCA	917
VI191	-----AGAACCCTTTAGAGATTATGTAGATAGGTTCTTTAAAACACTGAGAGCTGAGCA	914
JV831	-----A-----	598
CONSENSUS-H	TAA?ACAAGG?CCAAAAGAACCCTTTAGAGACTATGTAGA?AGGTTCTTTAAA?CTTTAAGAGCTGA?CA	855
VI525	---A-----A-----C-----A-----G---	923
VI557	---G-----G-----T-----G-----A---	923
CONSENSUS-O	TTA?GCAGGGACCAAAA?GAACCATT?AGAGA?TATGTAGATCGGTT?TACAAAACATTAAGAGCTGAGCA	827
ANT70	---A-----G-----T-----C-----C-----	920
MVP5180	---G-----A-----C-----T-----	920
CONSENSUS-A	TAAgaCAAgggCCaAAaGAaCCcTTcAgaGAcTATGTAgAtAggTTCTtTAAaactcTcAGAGCtgAgcA	916
AD_K124	---A-----T-----	923
AD_MAL	-----G-----T-----T-----	941
AD_CI32	-----T-----T-----A-----T-G-----A---	929
AD_G141	-----T-----T-----G-----	911
AG_VI354	-----G-----A-----A-----G-----A-----	923
AG_LBV105	---AG-----T-----C-----T-A-----	935
BF_BZ200	-----G-----T-----C-----A---G---A---C-----	923
CONSENSUS-CPZ	T?A?ACAAGG?CCAAA?GAGCCCTT?AGAGATTATGTGGA?AGATTCTA?AAAAC??T?AG?GC?GA?CA	609
CPZGAB	-C-G-----G-----G-----T-----C-----C-----TT-A-G-T-G--	947
CPZANT	-A-A-----A-----A-----C-----T-----T-----AA-T-A-A-A--	980

# HIV1 GAG

CONSENSUS-A	aGCTaCaCagGagGTAAAAaacTggATGACaGaaACctTgcTggTCCAAAAtGCgAAatCCAGAcTGTAAG	986
U455	-----T-----	981
BZ126B	-----T-----C-----C-----T-----A	987
IBNG	-----G-----	984
VI59	-----	993
VI310	G-----CA-----A-----T-----	990
VI57	-----T-----C-----T-----T-----	993
K112	-----GGT-----A A-----A-----T-----	993
K88	-----GGT-----A A-----A-----T-----	993
K29	-----GG-----A A A-----C A-----T-----	993
K7	-----T-----T-----GGT-A-----A A A-----A-----T-----	993
K98	-----GGT-----A A-----A-----T-----	993
K89	-----G A C-----T-----A-----A-----T-----	993
VI32	-----GGT-----T-----A-----T-----	993
VI415	-----GGT-----A-----A-----T-----	993
CI4	-----A-----T-----A-----A-----	987
LBV23	-----T-----A-----T-----A	993
TN2431	-----A-----	993
TN245	-----A-----	993
TN240	-----A-----C-----	993
CI20	-----G-----A-----	969
CI59	-----G-----	984
LBV2310	-----G-----	984
CI51	-----G-----	978
IC144	-----T-G-----	984
DJ258	-----G-----	984
TN238	-----A-----	993
UG266	-----T-----A-----A-----T-----	993
CONSENSUS-B	aGCttCACAgGAgGTaAAAAAttGGATGACAGAAACCTTgtTGGTcCaaAAAtgCgAAcCCAGAtTGTAAG	991
SF2	-----T-----A-----	999
BZ167	G-----T-----	996
PH153	-----T-----C-----A-----	993
PH136	-----A-----A-----	993
TB132	---C-----C-----	993
BZ190	-----A-----T-----	993
LAI	-----	993
HXB2R	-----	993
MN	-----CC---C-----	1002
JH31	-----A-----	993
JRCSF	---A-----A-----	993
JRFL	-----	987
OYI	-----T-----A-----	993
NY5CG	-----	993
NL43	-----A-----	993
CDC41	-----	993
HAN	---A-----A-----T-----	993
CAM1	-----	993
RF	-----T-----CC-----A	993
D31	---A-----	993
UG280	-----T-----	993
YU2	-----	993
BCSG3C	-----	993
P896	-----A-----A	993
3202A12	-----A-----A-----	993
3202A21	-----G-----A	993
GAG46	-----A-----C-----	993
MANC	-----	993
GAG314	-----A G-----G-----	993
GAG22	-----T-----	993
GAG15	-----A-----	993
WEAU160	---A-----T-G-----	993

HIV1 GAG

CONSENSUS-C	AGCtCaCAAGATGTAAAAAAtTGGATGACAGAcACCTTGGTGGTCCAAAATGCGAACCAGATTGTAAG	979
UG268	-----	978
SM145	-----	984
ZAM18	-----A-----	990
ZAM19	-----A-----	801
ZAM20	-----C-----	984
DJ259	---AT-T-----	987
VI313	-----	987
CONSENSUS-D	AGCTtCACAgGAtGTaAAAAatTGGATGAC?GAAACCTTGGTGGTcCAAATGCgAACCCAGATTGtAaa	988
ELI	-----A-----A-----C-G	993
Z226	-----A-----GG-----A-----A-----G	996
NDK	-----C-----A-----A-----	984
VI205	-----G-----C-----A-----A-----	996
G109	-----C-----C-----	1002
K31	-----A-----C-----T-----	993
UG274	-----T-----G-----	993
UG270	-----A-----T-----	993
SE365	-----A-----G-----T-----	993
VI203	-----A-----A-----G-----C-----	993
CONSENSUS-F	AGCTACACAGGAAGTAAAgggTTGGATGACAGACACcTGTGGTgTCCAAAtGCgAACCCaGATTGTaAg	978
VI174	-----T-----	978
VI69	-----A-----G-----G-----A	981
BZ162	-----	980
VI325	---C-----AAA-----C-----C-A-----	981
BZ163B	-----C-----	981
CONSENSUS-G	??	824
LBV217	AGCTACACAGGATGTAAAAAActGGATGACAGACACTTGTGGTGGTCCAAAATGCGAACCAGATTGTAAG	987
VI191	AGCTACACAGGAAGTAAAAGGCTGGATGACAGACACCTTGTGGTGGTCCAAAATGCGAACCAGATTGTAAG	984
CONSENSUS-H	AGC?ACACAGGA?GT?AA??TGGATGACAGACACCTTGTGGTGGTCCAAAATGCGAATCCAGATTG?AAG	918
VI525	---C-----T--A--GAA-----C---	993
VI557	---T-----G--G--AGG-----T---	993
CONSENSUS-O	AGCTACTCAAGAAGTAAA?AATTGGATGACAGAAAC??TGCTTGTTCa?AAT?C?AA?CCAGATTG?AAA	889
ANT70	-----A-----TC-----A--G-C--T-----C---	990
MVP5180	-----G-----CT-----G--T-A--C-----T---	990
CONSENSUS-A	aGCTaCaCAGgagGTAAAAaacTggATGACaGaaACcTgctTggTCCAAAAtGCgAatCCAGAcTGTAAG	986
AD_K124	-----GGT-----T-----A--A-----A-----T-----	993
AD_MAL	-----T-----	1011
AD_CI32	-----T-----	999
AD_G141	-----T-----	981
AG_VI354	-----T--A-----C-----T-----	993
AG_LBV105	-----C-----G--T-----C--C--T-----C-----T-----A	1005
BF_BZ200	---T-----T-----T-----C-----T-----	993
CONSENSUS-CPZ	?GCTTCACAG??GTGAAA??TGGATGAC?GA?AC??T?TTA?T?CA?AATGC?AA?CCAGATTG?AA?	660
CPZGAB	A-----GAA-----AAT-----T--C--TC-C--G-G--G-----A--C-----T--G	1017
CPZANT	G-----CCT-----GCC-----A--A--CT-G--A-C--A-----C--T-----C--A	1050

# HIV1 GAG

CONSENSUS-A	tCCATttTaAgAgcatTagGa?cagggGCTaCaTTAgAaGAaATGATGACAgCaTgcCAGggAGTggGaG	1055
U455	-----GC-----	1051
BZ126B	----C--G----G-----C-----G-----T-----	1057
IBNG	-----A-----T-----	1054
VI59	-----A-AG---A-GT-A-----A---	1063
VI310	-----A-----A--A-A-----	1060
VI57	-----A-----	1063
K112	-----G-----A--A-----	1063
K88	-----A-----A-----	1063
K29	-----G-----C-----	1063
K7	-----A-----A-----C-----A-----	1063
K98	-----A-----A-----	1063
K89	-----A-----G-----C-----	1063
VI32	-----C-----T-----	1063
VI415	A-----A-----A-----	1063
CI4	-----A-----A-----	1057
LBV23	A-----G-----G-----	1063
TN2431	-----A-----A--A-----	1063
TN245	-----A-----T--A-----	1063
TN240	-----A-----A--A-----	1063
CI20	-----C-----T-----	1039
CI59	-----GC-----T--T-----	1054
LBV2310	-----C--C-----T-----	1054
CI51	-----C-----G-----T--T-----	1048
IC144	A-----C-----T-----	1054
DJ258	-----C-----C-----G-----T--T-----	1054
TN238	-----A-----A--A-----	1063
UG266	-----C--A--C--AA-----AA--AA---	1063
CONSENSUS-B	ACtATtTTAAAAGCATTgGGaCCaGcaGCTaCacTAGAaGAaATGATGaCAGCATGTCAGGGaGTgGGaG	1061
SF2	-----G-----	1069
BZ167	-----T-----G-----	1066
PH153	-----A-----T-----	1063
PH136	-----	1063
TB132	-----	1063
BZ190	-----G-----	1063
LAI	-----	1063
HXB2R	-----G-----A-----	1063
MN	-----	1072
JH31	-----C-----	1063
JRCSF	-----	1063
JRFL	-----C-----	1057
OYI	-----G-----	1063
NY5CG	-----G-----	1063
NL43	-----G--G-----	1063
CDC41	-----G-----	1063
HAN	-----A-----G-----	1063
CAM1	-----G-----	1063
RF	-----A--G-----	1063
D31	-----G-----	1063
UG280	-----T-----	1063
YU2	-----G-----	1063
BCSG3C	--C-----G-----G-----	1063
P896	-----A-----G-----	1063
3202A12	-----G-----	1063
3202A21	-----G-----	1063
GAG46	-----A-----G-----A-----	1063
MANC	-----A-----G-----	1063
GAG314	-----	1063
GAG22	-----T-----	1063
GAG15	-----G-----	1063
WEAU160	-----G-----C-----	1063

HIV1 GAG

CONSENSUS-C	ACCATTtTAAGAGCATTAGGaCCAGggGCTtCAtTAGAAGAAATGATGACAGCATGTCAGGGAGTGGGAG	1049
UG268	-----G-----A-----	1048
SM145	-----	1054
ZAM18	-----C-----A-----	1060
ZAM19	-----C-----A-----	871
ZAM20	-----C-----A-----	1054
DJ259	-----G-----C-----	1057
VI313	-----G-----	1057
CONSENSUS-D	ActATCTTAAAAGCATTgGGACCAg?gGCTACAtTAGAaGAAATGATGACaGCaTGtCAGGgaGTGGGgG	1057
ELI	-----CA-----C-----	1063
Z226	--C-----CA-----C-----	1066
NDK	-----CA-----C-----C-----	1054
VI205	-----CA-----C-A-----A-----	1066
G109	-----CA-----	1072
K31	-----G-----A-----	1063
UG274	-----G-----A-----	1063
UG270	-----C-----G-----G-----	1063
SE365	-A-----A-----G-----C-----G-----	1063
VI203	-----G-----	1063
CONSENSUS-F	ACCATTtTAAAAGCattGGGACCAGGGGCTaCActagaagaatgatgacagcatgtcagggagtgggag	1048
VI174	-----C-----	1048
VI69	-----C-----A-----	1051
BZ162	-----	1050
VI325	-----G-----T-T-----G-----A-----	1051
BZ163B	-----T-----	1015
CONSENSUS-G	??	824
LBV217	ACCATCTTAAAAGCATTAGGACCAGGAGCTACTAGAAAGAAATGATGACAGCATGCCAGGGAGTGGGAG	1057
VI191	ACCATCTTAAAGAGCATTAGGACCAGGAGCTACTAGAAAGAAATGATGACAGCATGCCAGGGAGTGGGAG	1054
CONSENSUS-H	A?TATTTTAA?AGCATTAGGA??AGGGGCTTCAATAGAAGAAATGATGACAGC?TG?CAGGGAGTGGGAG	982
VI525	-A-----A-----AC-----A-T-----	1063
VI557	-C-----G-----CA-----C-C-----	1063
CONSENSUS-O	CA?ATT?TGAAA?CATTAGG?CCAG?AGCTAC?TTAGAAGA?ATGATGGTAGCCTGTCA?GGAGTAGGAG	951
ANT70	--G--T--T--G--G--C--G--G--	1060
MVP5180	--A--C--G--A--A--T--A--A--	1060
CONSENSUS-A	tCCATtTtTaAgAcatTagGa?cagggGCTaCaTTAgAaGaaATGATGACAgCaTgcCAgggAGTggGaG	1055
AD_K124	-----G--G-----	1063
AD_MAL	A-----A-----C-----	1081
AD_CI32	-----A-----G--C-----T-----	1069
AD_G141	A--C-----C-----T-----	1051
AG_VI354	A--C-----G-C--G-C-----A-----A-----	1063
AG_LBV105	A-----G--C-----T-----T-----	1075
BF_BZ200	A-T-----A-----G--C--CA-----C-----T-----T-----	1063
CONSENSUS-CPZ	CA?AT?CT?AA?GC?TTGGGA?C?GG?GCC?CC?TAGA?GAAATG?T?ACAGCTTGTCAAGGAGTAGGAG	717
CPZGAB	--A--T--A--A--A-----C-T-G--A-C--G-----A-G-----	1087
CPZANT	--C--C--G--G--T-----A-A-A--T--T--A-----T-A-----	1120

HIV1 GAG

	p24 \/ gACCcgGcCAtAAaGCAagggTtTTgGCTGAgGCAATgAGtCAaGta.....caacAt????caAa	
CONSENSUS-A	gACCcgGcCAtAAaGCAagggTtTTgGCTGAgGCAATgAGtCAaGta.....caacAt????caAa	1112
U455	-----G...A--G	1109
BZ126B	-----A-----C-----A---G--G	1115
IBNG	---T-----G...G-C--	1112
VI59	-----G---A-----A-----G...A--G	1121
VI310	---A-----A-C-----A-----G-C-----A---	1118
VI57	---A-----G...C---	1121
K112	-----A-----A-----A---	1121
K88	-----G-----A---	1121
K29	-----G-----A---	1121
K7	---A---C-----A---A-----C-----G...A---	1121
K98	-----A-----C-----G...G---	1121
K89	-----G-----A---	1121
VI32	-----C-----G...G---	1121
VI415	-----A---	1121
CI4	-----A-C---	1115
LBV23	-----A-----A---	1121
TN2431	---TA-----C-C-C-----G---	1121
TN245	---TA-----C-C-C-----G---	1121
TN240	---TA-----A-----C-C-C-----G---C	1121
CI20	---T-----G...T-C--	1097
CI59	---T-----G...T-C--	1112
LBV2310	---T-----G...A-C--	1112
CI51	-----G...T-C--	1106
IC144	---T-----G...T-C--	1112
DJ258	---T-----G-----A...T-C--	1112
TN238	---TA-----C-C-C-----G...G--G	1121
UG266	---A-----CA-----A-----G...A--G	1121
CONSENSUS-B	GaCCcgGcCAtAAaGCaAGAgTtTTGgCtGAaGCaATGAGCcAAgta.....acaaat????tCA..	1117
SF2	-----C-----C---	1125
BZ167	---T-----A-----C---AGT---	1125
PH153	-----C-----C-----	1119
PH136	---AA-----G-----G-----	1119
TB132	-T-----G-----G-----G-----	1119
BZ190	-----	1119
LAI	-----G-----	1119
HXB2R	-----G-----	1119
MN	---T-T-----G-----G-----	1128
JH31	-----	1119
JRCSF	-----C-----	1119
JRFL	-----C-----	1113
OYI	-----	1116
NY5CG	-----C-----	1119
NL43	-----C-----	1119
CDC41	-----	1119
HAN	-----GG-----	1119
CAM1	-----	1119
RF	---A-----A-----	1119
D31	-----	1119
UG280	-----A-----C---	1119
YU2	-----	1119
BCSG3C	-----C-----G-----	1119
P896	---A-----C-----G-----	1119
3202A12	-----G-----G-----	1119
3202A21	---A-----	1119
GAG46	-----G-----	1119
MANC	---A-----A-----	1119
GAG314	-----G-----A-----	1119
GAG22	-----A-----	1119
GAG15	---C-----A-----C-----	1119
WEAU160	-G-----A-----	1119



HIV1 GAG

	\ / p7	
CONSENSUS-A	c??????...aTAATGATgCAGAgAGGcaAttTt...agggGccagaaaaga??aTtAAgTGtTTcAAc	1167
U455	-----C-G-----	1164
BZ126B	TCCAAAC...-A-T-A-----	1176
IBNG	.....G-----G-C...-A-----	1167
VI59	-----T-----G-----A-----A-----A-----	1176
VI310	-----T-----G-----A-----A-----A-----	1173
VI57	-----G-----G-----	1176
K112	-----C-----G-----	1176
K88	-----G-----	1176
K29	-----G-----	1176
K7	T.....-AA--A--CG...-----T--T	1176
K98	-----A-----A-----G-----T--T	1176
K89	-----G-----A-----G-----	1176
VI32	-----A-----A-C...--GGCT-G-A-AGA-----	1179
VI415	-----AA--G-----C-----T	1176
CI4	-----A-----T-----	1170
LBV23	.....G-----C-----T-----	1176
TN2431	T.....-A-----A-----C-----	1176
TN245	T.....-A-----A-----C-----	1176
TN240	T.....-C-----A-----C-----	1176
CI20	-----A-G-C...--A--A-----	1152
CI59	-----G-----G-C...--A-----	1167
LBV2310	-----G-C-C...--A-----	1167
CI51	-----G-C...--A-----	1161
IC144	-----G-C...--A-----	1167
DJ258	-----G-----G-C...--A-----	1167
TN238	T.....-A-----G-----C-----	1176
UG266	-----AA-----	1176
CONSENSUS-B	.gctacc??ataATGaTgCAGAgAGGcAAtttT...AggaaccaagAAAgactgTtAAgTGtTTCAAt	1180
SF2	-----A-----	1188
BZ167	-----A-----A-----T-----	1188
PH153	-----G--C-----AC-----	1182
PH136	.....GCC-----A-T-----	1182
TB132	-----A-----A-----T-----	1182
BZ190	-----A-----A-----	1182
LAI	-----A-----T-----	1182
HXB2R	-----T-----	1182
MN	-----T-----T-A-C---C-----	1191
JH31	.A-----C-----T-A-----	1182
JRCSF	-----C-----A-----	1182
JRFL	-----C-----T-----	1176
OYI	.-TC---.G-----A-----A-----A-----G-A-----	1179
NY5CG	-----A-----A-----A-----G-A-----	1182
NL43	-----A-----A-----	1182
CDC41	-----C-----GA--G-----	1182
HAN	.G-----	1182
CAM1	-----C-----A--T-----G-----A-T-----C	1182
RF	-----T...G-----	1182
D31	-----T-A-----AC-----T-----C	1182
UG280	.-T-A...-----AC-----T-----C	1182
YU2	-----C-----A-----	1182
BCSG3C	-----C-----	1182
P896	-----A-----C-----	1182
3202A12	-----A-----T-----	1182
3202A21	-----A-----T-----	1182
GAG46	-----A-----AGT-----	1182
MANC	-----A-----	1182
GAG314	.-AG--ACC-C-----T-A-----	1185
GAG22	.A-----GA-----A-----A-----	1179
GAG15	-----A-----A-----	1182
WEAU160	-----G-----G-C-----A--A-----	1182

	\ / p7	
CONSENSUS-C	c.....aTAaTGATGCAGAgAaGCAATTTT...AAaGGccCtAaaagAAtTgTTAAATGTTTCAAc	1165
UG268	-----G-----G-----A-----T	1164
SM145	-----C-----A-----G-----T-----	1170
ZAM18	-----C-----A-----G-----	1176
ZAM19	N.....N-----A-----G-----N-----	987
ZAM20	T.....G-----G-----C-----	1170
DJ259	-----A-----G-----G-----A-----C-----A-----	1173
VI313	-----A-----G-----A-----	1173
CONSENSUS-D	T?ctgC?...atAATgATGCAGAgAGgcAAATTT...AAgGGcCcAagaAaAattaTTAAGTGTTCAC	1176
ELI	-A--A-A...GC-----T	1185
Z226	-G-C--A...G-----C-----	1188
NDK	-A--A...G-----G-----	1176
VI205	-A--A...G--A-----A-----A-----	1188
G109	-G--C...--A--T-----A-----G--G-----	1194
K31	-A--T...--A--G--C-----	1182
UG274	-A--T...--T-----G--C-----	1185
UG270	-G--T...--A--C--C-----T--AG-G--AC-----	1185
SE365	-G--C...--T-A--G--CG-----	1185
VI203	-GT--C...--C-----A--G-----	1185
CONSENSUS-F	?gca?cc...ATAaTGATGCAGAAaGtAAcTTT...AAGGGCCAAAGAAGaAAtTgTTAAATGTTTtAAT	1163
VI174	A--G-----T-----C-----	1170
VI69	---G-----T-----C-----	1167
BZ162	---A-T...--C-----	1166
VI325	.A--A--...--G-G-A-----A--A-----C--	1167
CONSENSUS-G	???????...AT?ATGATGCA?AAA?GC???TTT...AAGGGCCCGA?AA?AA?TATTAAGTGTTC?AC	871
LBV217	AACAGCC...--A-----G--G--AAT---...-----G--A--A-----G--	1179
VI191	AGCAGCC...--G-----A--A--GGG---...-----A--G--C-----A--	1176
CONSENSUS-H	?GCAG??...AT?ATGATGCAGAAAGG?AACTT?...AAGGG?CAAAGAAGAATT?TTAAATGTTTCAA?	1086
VI525	T---CC...--A-----C-----T...--T-----G-----C	1185
VI557	---TT...--G-----T---C...--C-----A-----T	1182
CONSENSUS-O	CACAGCA...GTATTCATGCAAGAGGGCA?AAT...CCAA?TAG?AAAGG??C?ATAAAATG?TTCAA?	1068
ANT70	-----A-----T--G-----AA-T-----T---C	1194
MVP5180	-----G-----A--A-----GC-C-----C-----T	1194
CONSENSUS-A	c???????...aTAATGATgCAGAgAGGcaAtttT...agggGccagaaaaga??aTtAAgTgTtTcAAc	1167
AD_K124	TGCTGCT...G-----A-----CA--G-A-ATC-----A-----	1188
AD_MAL	TGCTGCC...-----T-----A-----A-G--AGTTTCG-----	1200
AD_CI32	-----C-----A-----A-----	1185
AD_G141	-----A-----A-----	1164
AG_VI354	-----A-----A--A-----	1176
AG_LBV105	-----A-----A-----ATC-----	1191
BF_BZ200	.GCAGCC...-----AA--A-G--AGACTG-----T	1182
CONSENSUS-CPZ	A?C?G??...GT?TT??T?CAGA??GG??A?GG??????GG??A?AAAAAGA????T?AAATG?TTTTAA?	790
CPZGAB	-G-A-AT...--T--CT-C---AG--AC-A--T...GCG--CCC-----AAAA-A-----C-----T	1212
CPZANT	-A-C-CA...--C--TC-G---GA--CA-T--AAATAGA--AGG-----CCTC-C-----T-----C	1248

# HIV1 GAG

CONSENSUS-A	TGTGGcAaaGAaGGaCAccTAGCcAgAAATTGcAggGCcCCTAggAAAAagGGcTgTgGAAaTgTgggA	1237
U455	-----A-----T-----C-----C-----	1234
BZ126B	-----G-----G-----C-----A-----	1246
IBNG	-----A-----G-----	1237
VI59	-----T-----A-----A-----A-----	1246
VI310	-----T-----A-----	1243
VI57	-----	1246
K112	-----G-----	1246
K88	-----	1246
K29	-----T-A-----A-----A-----	1246
K7	-----A-----A-----A-----A-----	1246
K98	-----	1246
K89	-----T-----	1246
VI32	-----	1249
VI415	-----A-----G-----	1246
CI4	-----	1240
LBV23	-----	1246
TN2431	-----A-----T-----	1246
TN245	-----G-----A-----T-----	1246
TN240	-----T-G-----A-----T-----C-----	1246
CI20	-----A-----G-----	1222
CI59	-----A-----G-----	1237
LBV2310	-----A-----A-----G-----	1237
CI51	-----A-----G-----	1231
IC144	-----A-----	1237
DJ258	-----A-T-----A-----A-----	1237
TN238	-----G-----A-----T-----	1246
UG266	-----A-----A-----A-----AA--	1246
CONSENSUS-B	TGTGGcAAAGaaGGgCAcatAGCcAaaAAATGCAgGGCcCCTAGgAaaAaGGGcTgTgGAAaATGTGGAA	1250
SF2	-----G-----	1258
BZ167	-----G-----	1258
PH153	-----A-----G-----A-----A-----	1252
PH136	-----	1252
TB132	-----G-----	1252
BZ190	-----A-----C-----	1252
LAI	-----G-----	1252
HXB2R	-----C-----G-----	1252
MN	-----G-----	1261
JH31	-----T-----G-----	1252
JRCSF	-----G-----	1252
JRFL	-----G-----	1246
OYI	-----T-----	1249
NY5CG	-----	1252
NL43	-----	1252
CDC41	-----T-G-----A-----	1252
HAN	-----G-----	1252
CAM1	-----TC-----T-----	1252
RF	-----T-----	1252
D31	-----G-----	1252
UG280	-----T-----	1252
YU2	-----T-----	1252
BCSG3C	-----T-----G-----A-----G-----C-----	1252
P896	-----	1252
3202A12	-----G-----	1252
3202A21	-----G-----	1252
GAG46	-----G-----G-----T-----	1252
MANC	-----T-----G-----G-----	1252
GAG314	-----T-----T-----A-----A-----	1255
GAG22	-----TC-----G-----T-----A-----G-----C-----	1249
GAG15	-----G-----GG-----	1252
WEAU160	-----A-----G-----C-----	1252

HIV1 GAG

CONSENSUS-C	TGTGGCAAgGAAGGGCACaTAGCcAgAAaTTGCAGGGCcCCTaGGAAAAAgGGCTGTTGGAAATGTGGAA	1235
UG268	-----C-----A-----	1234
SM145	-----A-----T-----T-----	1240
ZAM18	-----A-----A-----	1246
ZAM19	-----A-T-----A-----	1057
ZAM20	-----T---C-----	1240
DJ259	-----C-----	1243
VI313	-----T-----	1243
CONSENSUS-D	TGTGGCAaAgAAGGgCACatAGCaAaAAATTGcAggGCcCCTAg?AaaAaGGGCTGTGgAaATGtGGAA	1245
ELI	-----G-----G-----	1255
Z2Z6	-----G-G-----	1258
NDK	-----G-----C-----A-----C-----	1246
VI205	-----AA-----	1258
G109	-----G-----A-----G-----	1264
K31	-----A-C-----T-----G-G-----	1252
UG274	-----T-----T-----G-----	1255
UG270	-----C-----T-----A-----AA-----	1255
SE365	-----G-----A-----A-----A-----C-----	1255
VI203	-----G-----A-----C-----C-----A-----	1255
CONSENSUS-F	TGTGGCAaAgaaGGACaCaTAGCCAaAaATTGcAGGGCCCCTAGAAAAAGGGCTGTTGGAAATGTGGAA	1233
VI174	-----G-----	1240
VI69	-----G-----	1237
BZ162	-----AC-----T-----	1236
VI325	-----G--G-----T-----C-----G-----	1237
CONSENSUS-G	TGTGGCAAGGAAGGACATCTAGCCAGAAATTGCAGGGCCCCTAGGAAAA?GGGCTGTTGGAAATGTGGAA	940
LBV217	-----G-----	1249
VI191	-----A-----	1246
CONSENSUS-H	TGTGGCAAGAAGGACAC?TAGC?AGAAATTGCAGGGCCCCTAGGAAAAAGGG?TGTGGAAATG?GGAA	1152
VI525	-----A---T-----C-----T-----	1255
VI557	-----C---C-----A-----C-----	1252
CONSENSUS-O	TGTGGAAGAGGGACATATAGCAA?AAA?TGTCGAGCACCTAG?AAAA?GGGTTGCTGGAAATGTGGAC	1134
ANT70	-----G---T-----G---A-----	1264
MVP5180	-----A---C-----A---G-----	1264
CONSENSUS-A	TGTGGcAaaGAaGGaCAccTAGCcAgAAATTGcAggGCcCCTAggAAAAagGGcTgTgGAAaTgTgggA	1237
AD_K124	-----G---A---A-A-----T-----G-----A-----	1258
AD_MAL	-----	1270
AD_CI32	-----G-----A---A-A-----A-----	1255
AD_G141	-----	1234
AG_VI354	-----A-----A-----	1246
AG_LBV105	-----T-----A-----	1261
BF_BZ200	-----G---A---A-A-----A-----	1252
CONSENSUS-CPZ	TG?GG?AAAGA?GG?CA? ??GC?AGAAATTG?AA?GC?CCAAGAAG?AAAGGCTG?TGG?G?TGTGG?C	843
CPZGAB	--T-G---A-T--CCTA--T-----T--A--A-----A-----T--C-G---G---	1282
CPZANT	--C--T---G--C--TACT--A-----C--G--C-----G-----C---A-A-----A---	1318

# HIV1 GAG

	pol cds ->	
	p7 \/	
CONSENSUS-A	agGAaGGaCAcCAAATgAAaGAcTGcACT...??gAg...aGaCAGGctAATTTTtTAggGaaAaTtTg	1298
U455	-A-----	1295
BZ126B	-----T-----T-----G-----	1307
IBNG	-A-----T-----	1298
VI59	-A-----	1307
VI310	-T-G---T-----	1304
VI57	---G-----	1307
K112	---G---T-----A...	1307
K88	---G-----A...G---G-----	1307
K29	---G-----C...-----C---	1307
K7	-----T-----A---G---A	1307
K98	---G-----T-----G-----	1307
K89	---G---A-----A...G-----	1307
VI32	---G-----C...AAT---C---	1313
VI415	-----C---	1307
CI4	---G-----C---	1301
LBV23	-----	1307
TN2431	G-----T-----	1307
TN245	-----T-----T-----	1307
TN240	-----T-----	1307
CI20	-----T-----	1283
CI59	-----T-----	1298
LBV2310	-----G---T-----	1298
CI51	G-----T---T-----	1292
IC144	-----T-----	1298
DJ258	---G-----T-----	1298
TN238	-----T-----	1307
UG266	-A-----A-----A...AA-----	1307
CONSENSUS-B	agGAAGGACAcCAAATgAAaGAtTGtact...??Gag??aGACAGGctAATTTTTTAgGgAAgAtcTG	1311
SF2	G-----C-----	1319
BZ167	-----T-A-----	1319
PH153	G-----A...A-----	1313
PH136	G-----A-----	1313
TB132	-----A...A---A-----	1313
BZ190	-----T-----A-----	1313
LAI	-----	1313
HXB2R	-----	1313
MN	-----	1322
JH31	-----A---A-----	1313
JRC5F	-----G-----	1313
JRFL	-----	1307
OYI	G-----	1310
NY5CG	-----	1313
NL43	-----	1313
CDC41	G-----	1313
HAN	-----T---G---C---A...A-----	1313
CAM1	-----T---A-----A-----	1313
RF	-----C...AAT---GGAC---A-----	1319
D31	-----	1313
UG280	-----A...AAT---	1316
YU2	-----	1313
BCSG3C	-----A-----	1313
P896	-----A-----	1313
3202A12	-----T-----	1313
3202A21	-----T-----	1313
GAG46	-----G-----	1313
MANC	-----	1313
GAG314	-----A-----A-C---	1316
GAG22	-----T---A---A---CC---G---C---A---A---	1310
GAG15	-----A-----A-----	1312
WEAU160	-----	1313

	pol cds ->	
CONSENSUS-C	?GGAAGGACACCAAATGAAAGAcTGTACT.....GAG...AGgCAGGctAATTTTTTAGGGAAaAtTG	1295
UG268	G-----A-----C-----G-----	1295
SM145	A-----	1301
ZAM18	A-----C-----C--	1307
ZAM19	N-----C--	1118
ZAM20	G-----T-----A-----	1301
DJ259	G-----A-----	1304
VI313	A-----	1304
CONSENSUS-D	agGAAGGaCACCAaTgAAaGAtTGCAct.....Gaa...AGACAGGCTAATTTTTTAGGGAAaaTtTG	1306
ELI	-----C-A-----G-----G-----	1316
Z2Z6	-----C-----G-----G-----	1319
NDK	G-----G-----	1307
VI205	G-----A-----	1319
G109	-A-----G-----	1325
K31	G-----G-C-----	1313
UG274	-----G-----	1316
UG270	G-----A-----A-----C--	1316
SE365	-----G-----G-----	1316
VI203	-----G-----	1316
CONSENSUS-F	gaGAaGGACACCAAATGAAAGACTGCAct.....GAa...aGaCAGGctAATTTTTTAGGGAAAATTTG	1294
VI174	-----	1301
VI69	---G-----G-----C-----	1298
BZ162	-----G-----	1297
VI325	AG-----C-----G-----G-----	1298
CONSENSUS-G	?GGA?GGACATCAAATGAAAGACTGCACA.....GAG...AGACAGGCTAATTTTTTAGGGA?AAT?TG	997
LBV217	A--G-----A--C--	1310
VI191	G--A-----G--T--	1307
CONSENSUS-H	?GGAAGGACATCAG?TGAAAGA?TGCACA.....GA?...AGACAGGCTAATTTTTTAGGGAAAAT?TG	1208
VI525	G-----A-----T-----G-----C--	1316
VI557	A-----C-----C-----A-----T--	1313
CONSENSUS-O	AGGAAGGTCAACCAAATGAAAGATTGCA?A.....AATGGAA?ACAGGCAAATTTTTTAGG?AA?TACTG	1194
ANT70	-----G-----A-----C--A-----	1328
MVP5180	-----A-----G-----G--G-----	1328
CONSENSUS-A	agGAaGGaCaCaaTgAAaGAcTgCAct...???gAg...aGaCAGGctAATTTTTtTAggGaaAaTtTg	1298
AD_K124	G-----T-----A-----	1319
AD_MAL	-----	1331
AD_CI32	-----T-----A-----C--	1316
AD_G141	-----	1295
AG_VI354	-----C--T-----A--A-----G.....A--	1307
AG_LBV105	-----T-----C--	1322
BF_BZ200	GA-----A-----	1313
CONSENSUS-CPZ	A?GA?GGACACCA??T?AAA?ACTG??CA????????????GA?A?GT?AATTTTTTAGGGAAA?????	884
CPZGAB	-A--G-----AA-G--G--CA--.....GGA...A--C-G--G-----GGTTG	1343
CPZANT	-G--A-----GC-T--A--TC--GCAACAAATACAG--A-A--A-----CCGAC	1388

# HIV1 GAG

CONSENSUS-A	GcCTTCCagCAAgGGg...AGGCCagGaAAtTTtCctCagagCAGacca.....	1344
U455	-----A-----G-----	1341
BZ126B	-----CA-----G-----C-T-----A--G-----	1353
IBNG	-----G-----	1344
VI59	-----G-----	1353
VI310	-----C-----A---TTG.....	1350
VI57	-----C-----G-----	1353
K112	-----A---TG-----	1353
K88	-----C---A---TG-----	1353
K29	-----A---T-----	1353
K7	-----	1353
K98	-----G-----	1353
K89	-----A---TG-----	1353
VI32	-----A-----G-----	1359
VI415	-T-----C-----G-----	1353
CI4	-----G-----	1347
LBV23	-----	1353
TN2431	-----A---A---G---G-----	1353
TN245	-----A---A---G---G-----	1353
TN240	-----A---A---G---G-----	1353
CI20	-----	1329
CI59	-----A-----G-----G-----	1344
LBV2310	-----A-----C-----G-----	1344
CI51	-----G-----	1338
IC144	-----A-----A-G-----	1344
DJ258	-----C-----A-----	1344
TN238	-----A---A---G---G-----	1353
UG266	-----A-G-C-----	1353
CONSENSUS-B	GcCtTCCcacAAGGGa...AGGccagGgAAtTTtCttCAGagCAGaccA????????????????????	1357
SF2	-----T-----	1365
BZ167	-----T-----C-C-----	1365
PH153	-----G-----	1359
PH136	-----G-----C-----G-----	1359
TB132	-----A-----	1359
BZ190	-----G-----C-----	1359
LAI	-----T-----GAGCCAACAGCCCCACCATTT	1380
HXB2R	-----T-----	1359
MN	-----TG-----C-----C-----A-----	1365
JH31	-----TC-----	1359
JRCSF	-----T-----C-----	1359
JRFL	-----T-----	1353
OYI	-----A-----	1356
NY5CG	-----	1359
NL43	-----	1359
CDC41	-----	1359
HAN	-----G-----A-----	1359
CAM1	-----G-----	1359
RF	-----C-----	1365
D31	-----T-----C-----	1359
UG280	-----T-----G-----	1362
YU2	-----A-----	1359
BCSG3C	-----C-----T-----	1359
P896	-----	1359
3202A12	-----	1359
3202A21	-----	1359
GAG46	-----G-----	1359
MANC	-----C-----	1359
GAG314	-----T-----C-----G-----	1362
GAG22	-----A-----	1356
GAG15	-----TC-----	1358
WEAU160	-T-----A-----C-----T-----	1359

HIV1 GAG

CONSENSUS-C	GCCTtCCcAcAAGGGG...AGGCCAGGGAATTTCTtCAGAgCAGgCCa????????????????	1341
UG268	----C--A-----.....-A-----	1341
SM145	-----.....-A-----GAGCCAACAGCCCACCAGCA	1368
ZAM18	-----.....GAGCCAACAGCCCCT.....	1368
ZAM19	-----.....	1164
ZAM20	-----A-----.....-C---A-----GAGCCAACAGCCCACCAGCA	1368
DJ259	-----A-----.....-A---T-----	1350
VI313	-----T-----.....-C---A---A-----	1350
CONSENSUS-D	GCCTTCCcaCAAGGGa...aGGCCaGGgAAcTT?CttCAgAGCAGACca.....	1351
ELI	-----.....G-----T-C-A-----	1362
Z226	-----.....G-----T-----	1365
NDK	-----.....G-----T-T-----	1353
VI205	-----T-----.....G-----T-T-----	1365
G109	-----A-----G-----A-----C-----	1371
K31	-----G-----G---T-A---C-----G.....	1359
UG274	-----G-----.....C-----TG.....	1362
UG270	-----G-----.....C-----	1362
SE365	-----AG-----G-----T-C-----	1362
VI203	-----.....C-----	1362
CONSENSUS-F	GCCTTCCaACAAGGG...AgGCC?GG?AATTTtCT?CAGAgCAGaCCA.....	1337
VI174	-----.....C-A-----T-----	1347
VI69	-----.....A-G-----T-----	1344
BZ162	-----C-----.....C-A---C-C---A---G---	1343
VI325	-----A---A---A---G---C-----	1344
CONSENSUS-G	GCCTTCCCACAAGGG...AGGCC?GGGAATTTTCTTcAGA?CAG?CA.....	1039
LBV217	-----.....A-----A---AC---	1356
VI191	-----.....G-----T---GA---	1353
CONSENSUS-H	G?CT?CCA?CAAAGGG...AGGCCAGGGAATTTTCT?CAGAGCAGGCCA.....	1250
VI525	-C--T--G-----.....T-----	1362
VI557	-T--C--A-----.....C-----	1359
CONSENSUS-O	GCCTCCGGGGGGCAG...AGGCCAGGCAATTATGTGCAGA?AC?AG??.....	1236
ANT70	-----.....G-C--CA.....	1374
MVP5180	-----.....A--A--TG.....	1374
CONSENSUS-A	GcCTTCCagCAAAGGg...AGGCCagGaAAtTTtCctCAgagCAGacca.....	1344
AD_K124	-----CA-----A.....G--C--C-T-----	1365
AD_MAL	-----CA-----A.....G---C-T-----	1377
AD_CI32	-----.....G-----	1362
AD_G141	-----A--A-----.....G--C-----G.....	1341
AG_VI354	-----A-----.....G-----TC---A-----	1353
AG_LBV105	-----.....G-----T-----A-----	1368
BF_BZ200	-----A-----.....G-----C-T---A---G---	1359
CONSENSUS-CPZ	?CC??C??G??G?GGG??AG?CCAGG?AACTTTGTGCAGAA?????A?????.....	914
CPZGAB	G--TT-CC-CA-C-----G-----C-----CAGAAC-----	1389
CPZANT	C--CA-GT-GT-G---TGC--A-----G-----GGAGGA-GTAGTG.....	1443

# HIV1 GAG

CONSENSUS-A	.....GAgCCaaCAGCcCCACcaGCAGAg.....a?ct	1371
U455	.....-----A-----	1369
BZ126B	.....-----A-----	1381
IBNG	.....-A-----T-----	1372
VI59	.....-----T-----	1381
VI310	.....-----T-----	1378
VI57	.....-----CT--	1381
K112	.....-A-----	1381
K88	.....-----T--	1381
K29	.....-----T--	1381
K7	.....-----T--	1381
K98	.....-----T--	1381
K89	.....-----T--	1381
VI32	.....-T-----	1387
VI415	.....-----T-G	1381
CI4	.....-----CT-C	1375
LBV23	.....-----TGA	1381
TN2431	.....-----A-----GA--	1381
TN245	.....-----A-----A--	1381
TN240	.....-----A-----A--	1381
CI20	.....-A-----G--	1357
CI59	.....-A-----A--	1372
LBV2310	.....-A-----G--	1372
CI51	.....-A-----G--	1366
IC144	.....-A-----G--	1372
DJ258	.....-----T-----G--	1372
TN238	.....-----A-----A--	1381
UG266	.....-----T--	1381
CONSENSUS-B	??????.....????????GAgCCaaCAGCcCCacCAGaagAG.....AgCt	1385
SF2	.....-----	1393
BZ167	.....-----T--	1393
PH153	.....-A-----	1387
PH136	.....-----	1387
TB132	.....-G-----C-----	1387
BZ190	.....-----G-----	1387
LAI	CTTCAG.....AGCAGACCA-----	1423
HXB2R	.....-----	1387
MN	.....-----	1393
JH31	.....-----T-----G-----	1387
JRCSF	.....-----	1387
JRFL	.....-----A-----	1381
OYI	.....-----C-----	1384
NY5CG	.....-----	1387
NL43	.....-----	1387
CDC41	.....-----G-----	1387
HAN	.....-----	1387
CAM1	.....-----	1387
RF	.....-----	1393
D31	.....-----	1387
UG280	.....-----	1390
YU2	.....-----T-----	1387
BCSG3C	.....-T-----	1387
P896	.....-----	1387
3202A12	.....-----	1387
3202A21	.....-----	1387
GAG46	.....-T-----	1387
MANC	.....-----G-----	1387
GAG314	.....-----	1390
GAG22	.....-----	1384
GAG15	.....-A-----A-----A-----	1386
WEAU160	.....-A-----	1387

# HIV1 GAG

CONSENSUS-C	????????????????????gagCCAacAGCCcCACcAGCAGAG????????????????????AGCT	1369
UG268	.....--A-----CCAAcAGCCcCACcAGCAGAG-----	1390
SM145	GAGAGCTTCAGGGTCAGGCCA-----	1417
ZAM18	.....AGGCCA-----	1402
ZAM19	.....-N---N---N---N-----	1192
ZAM20	GAGAACTTCAGG.....	1405
DJ259	.....	1378
VI313	.....	1378
CONSENSUS-D	.....GAGCCaACAGCCCCACCAGCagAG.....AGcT	1379
ELI	.....	1390
Z2Z6	.....	1393
NDK	.....	1381
VI205	.....-A-----	1393
G109	.....	1399
K31	.....-G-----	1387
UG274	.....	1390
UG270	.....	1390
SE365	.....	1390
VI203	.....	1390
CONSENSUS-F	.....GAGCCaaCAGCCCCaCCAGCAGAG.....AgCT	1365
VI174	.....	1375
VI69	.....-T-----G-----	1372
BZ162	.....	1371
VI325	.....-G-----	1372
CONSENSUS-G	.....GAGCCA?CAGCCCCACC?GCAGA?.....????	1060
LBV217	.....-T-----C-----G.....AGCC	1384
VI191	.....-A-----T-----A.....	1377
CONSENSUS-H	.....GAGCCAACAGCCCCACCAGCAGAG.....AGCT	1278
VI525	.....	1390
VI557	.....	1387
CONSENSUS-O	.....??CCCATCAGCCCCACC?ATGGAG.....	1257
ANT70	.....CA-----G-----	1398
MVP5180	.....TC-----A-----	1398
CONSENSUS-A	.....GAgCCaaCAGCcCCACcagCAGAg.....a?ct	1371
AD_K124	.....-A-----	1393
AD_MAL	.....	1405
AD_CI32	.....-A-----	1390
AD_G141	.....-T-----	1369
AG_VI354	.....	1381
AG_LBV105	.....-CT-----C-----	1396
BF_BZ200	.....	1387
CONSENSUS-CPZ	.....GA?CCAAC?GC?CCACC?ATAGAG.....A??T	936
CPZGAB	.....-A-----G-----C-----G-----	1417
CPZANT	.....-G-----A-----T-----C-----	1471

# HIV1 GAG

CONSENSUS-A	tt??gGgatgggggaagagataaacc...tCctct.....ccgaagcaGgAgCagaaagac..	1421
U455	-----A---G-----C-----G---A---T-----	1419
BZ126B	-C...A--T-C-A-----C-----G-----T-----	1428
IBNG	-----C-T...C-----AC-----A-C-GG-----	1422
VI59	-G...A---AA-A---A-G-----C-----A---A---CT....	1428
VI310	-----C-----A-----	1428
VI57	---A-----G-----C-----A-----	1431
K112	-----GG-----C-----	1431
K88	G-----G-----C-----G-----	1431
K29	-----TC-----	1431
K7	---A---A-A-----G-----C-----A-----	1431
K98	-----C-----	1431
K89	G-----G-----C-----T-----	1431
VI32	-----G-----C-----	1437
VI415	-----G---C-----C-----	1422
CI4	-G...-----A-G-----C-----	1419
LBV23	-CTTT-----C-----A---A-----	1434
TN2431	GG...-G-----C-----TA-----TA-----	1431
TN245	GG...-----A-----TA-----T-----	1431
TN240	GG...-----TA-----	1431
CI20	-----A-----A-C-GG-----	1407
CI59	-----A---C-----A-C-GG-----	1422
LBV2310	-----C-----A-C-GG-----	1422
CI51	-----T-----C-----T-C-----C-GG-----	1416
IC144	-----A---A---C-----C-----A-C-GG-----	1422
DJ258	-----C-----A-C-GG---A..	1422
TN238	GG...-----TA-----T-----	1431
UG266	-G...A---AAA-----G-----C-----A---A---A-----	1431
CONSENSUS-B	TC...aGGTttgggGaaGagAcaacaactcCctct???????????cagaAGcAggAgccgatagac..	1438
SF2	-----G---A-----	1446
BZ167	-----A---A---A-----	1446
PH153	-----CA-----C-----A-----	1440
PH136	-----	1440
TB132	-----A-A-----	1440
BZ190	-----G-----A---G-----	1440
LAI	-----C---T-----	1476
HXB2R	-----C---T-----C-----	1440
MN	-----A-CAGAAGCAGGAGA-----A-----	1458
JH31	-----C-----G-----	1440
JRCSF	-----G-----CAGAAGCAGGAG-----	1452
JRFL	-----G-----	1434
OYI	---G-----C-----	1437
NY5CG	-----	1440
NL43	-----	1440
CDC41	-----C-----G-----	1440
HAN	-----CA---G-T-----	1437
CAM1	-----A-----AA-----	1440
RF	-----T-----	1443
D31	-----G-----T-----	1440
UG280	-----T-----C-----TA-----	1443
YU2	-----A-----	1440
BCSG3C	-----G-----C-----G-GA-----	1440
P896	-----G-----	1440
3202A12	-----A-TC-C-----TCTC---A-C---GA-CCGAGG..	1437
3202A21	-----GG-----	1440
GAG46	-----TG-----C-----	1440
MANC	-----TG-----A-----	1440
GAG314	-----	1443
GAG22	--	1386
GAG15	--	1388
WEAU160	-----CA-----A-----	1440

HIV1 GAG

CONSENSUS-C	TC...aGGTTC...GAGGaGaCaACc...CCcgCT.....CcGAAGCAGGAGCcgAaAGAc??	1416
UG268	-----G-----T-----C-----	1437
SM145	-----T-----A..	1464
ZAM18	-----G-----T-----	1449
ZAM19	-----N-----T-----	1239
ZAM20	-----G-----	1452
DJ259	...G-----C-G-----C-----A-----TA-----AA	1427
VI313	-----T-----	1425
CONSENSUS-D	TC...GGGTTtGGgGAGgAgAtaaCc...CCctCt.....cagAAaCAGGAGCagAAaGAc??	1429
ELI	-----A-----A-----	1440
Z2Z6	-----A-----	1443
NDK	-----	1431
VI205	-----A-----	1443
G109	-----A-G-----C-----A-----AA	1451
K31	-----A-----	1437
UG274	-----A-----A-----	1440
UG270	-----A-----	1440
SE365	-----CG-----	1440
VI203	-----C-A-----A-G-----C-----GC--G-----CA--G--G..	1440
CONSENSUS-F	Tc...GGGTTC?GaGAGGAGATAAc...CCCTCT.....CCGAaGCAGGAGcaGAA?Gac..	1413
VI174	-----G-----G-----G-G..	1425
VI69	-T-----A-----G-----	1422
BZ162	-----A-----A-----A--A..	1421
VI325	-----G-G-----AC--A-----	1422
CONSENSUS-G	??...?????????GAGGAGATA?CC...?CCTC?...CCGAAGCAGGA?CC??????...	1088
LBV217	TC...GGGTTCGGG-----G-----C---C-----G--A.....	1428
VI191	-----A-----T---T.....A--GAGGGAC..	1416
CONSENSUS-H	T?...GGGTT?GGAGAGGA?ATGACC...CCC?CT.....CC?AA?CAGGAG???A?GGA?..	1317
VI525	-T-----C-----G-----T-----G--G-----CCC-G---C..	1440
VI557	-C-----T-----A-----C-----A--A-----AGG-A---T..	1437
CONSENSUS-O	.....GAGG?AGTGAAG...G?ACA?...GAGAATCAG???CAGAA?GGG..	1289
ANT70	-----A-----G--G-----GAA-----A-----	1437
MVP5180	-----C-----A--A.....AGT-----G-----	1437
CONSENSUS-A	tt??gGgatgggggaagagataacc...tCctct.....ccgaagcaGgAgCagaaagac..	1421
AD_K124	-C-----T-T-----G-----A...C-----A--A-----C-----	1443
AD_MAL	-C-----T-T-----G-----AA...C-----A--A-----	1455
AD_CI32	-C-----A-----G-----CAGGG-----	1440
AD_G141	-C-----T-T-----G-----C-----A--A-----G-----	1419
AG_VI354	-C-----T-C--A--G-----G--C---C-----G--C-----CA--GG--A..	1431
AG_LBV105	-----T-C--A--G--AG-----C-----G-----	1446
BF_BZ200	-C-----T-C--A--G-----G-----C-----	1437
CONSENSUS-CPZ	AT...?????CAGGAGGA??A?AAG...AG????...?AGAAG????????G?G????..	959
CPZGAB	-----GGGTAC-----AG-G-----CCAG.....G-----AAAGAGGGA-A-AGC..	1467
CPZANT	-----GC-C-----GACT.....C-----GGTCTCAAG-G-GAG..	1515

# HIV1 GAG

CONSENSUS-A	....?????aaggaacag??tcc?cCtTtAgtttCCcTCAAATCACTCTTTGGCAACGACCcCtGTCA	1478
U455	.....-G-----AC-----	1476
BZ126B	.....-G--G-.....-A-T-C-----	1456
IBNG	.....GG-TATA--T--AC-----T-A-	1479
VI59	.....-G-----TCC--T-C-----	1449
VI310	.....-G-----TCC--T-C-----	1464
VI57	.....-G-G---GGC--A-----	1467
K112	.....-G-----ACC--A--C-C-A-C-----	1467
K88	.....-G-----ACC--A-----	1467
K29	.....-G-----GCC--A--C--AC-----	1467
K7	.....-G-----CCA.....C-----	1464
K98	.....-G-----ACCA.....	1464
K89	.....CG-----G--C-A-----	1461
VI32	.....-G-----AGC-AA-----	1473
VI415	.....-G-----GCC--A-----	1458
CI4	.....-G-----CC-----C-A-----	1452
LBV23	.....-G-----CCC-TT--C--C-----	1470
TN2431	.....-G-TCC--T-----	1485
TN245	.....-TCC--T-----	1467
TN240	.....-TCC--T-----	1467
CI20	.....-G-TATA--T-----C-----	1443
CI59	.....-G-T-TA--T-----AC-----	1458
LBV2310	.....-G-TATA--T-----AC-----	1458
CI51	.....-GG-TATAC--T-----C-----	1452
IC144	.....-G-TATA--T-----AC-----	1458
DJ258	.....C--G-TATA--T--C--AC-----	1458
TN238	.....-CCC--T-----	1467
UG266	.....-AC-----A-----	1464
CONSENSUS-B	.....??aAgGaaactgTAt??cCtTtAgCttCCCTCAgatcACTCTTTGGCAaCGACCcCtGTCA	1495
SF2	.....-T-----A-----	1503
BZ167	.....-T-----A-----	1479
PH153	.....-C-----A-T-----	1473
PH136	.....-A-----A-----	1473
TB132	.....-A-----A-G-----A-----	1491
BZ190	.....C--AA-----C--G-----	1473
LAI	.....-A-----A-----	1533
HXB2R	.....-A-----A-G-----	1497
MN	.....C-----A-----A-T-----	1515
JH31	.....-T-----A-----	1497
JRCSF	.....-A-----A-----	1509
JRFL	.....-G-----A-C-----A-----	1491
OYI	.....-G-----A-C-----A-----	1494
NY5CG	.....-G-----G-----	1497
NL43	.....-G-----G-----	1497
CDC41	.....-C-----C-----A-----G-----	1497
HAN	.....-C-----C-----A-----G-----	1494
CAM1	.....-A-----A-----	1497
RF	.....-A-----A-----	1500
D31	.....-G-----T--C-----	1497
UG280	.....-G-----T--C-----	1476
YU2	.....-G-----G-----	1497
BCSG3C	.....-A-----C-----	1497
P896	.....-C-----C-----	1497
3202A12	.....GAC-----C-----C-----	1497
3202A21	.....-C-----C-----	1497
GAG46	.....-G-A-----A-C-----	1497
MANC	.....-C-----C-----C-----	1497
GAG314	.....C-----G-----C-----	1500
WEAU160	.....-G-----A-----A-----	1497

HIV1 GAG

CONSENSUS-C	?????????agggaa?????????CCCTTAAcTtCCCTCAaATCACTCTTTGGCAACGACCCCT	1462
UG268	.....-T-----	1464
SM145	.....	1485
ZAM18	.....	1476
ZAM19	.....	1285
ZAM20	.....-TCCTACAGGGAA-----G-----	1488
DJ259	GGAACCTAC-A--G.....G-----G-----G-----	1464
VI313	.....-A-----	1452
CONSENSUS-D	?????????aagGAactgtaT...CctttAgCttCCCTCAaATCACTCTTTGGCAACGACCCCTtGTca	1486
ELI	.....A-----G	1497
Z2Z6	.....C-A-G-----T-----	1500
NDK	.....C-----	1488
VI205	.....AA-----A-C-----	1476
G109	GGAAAAAGAC-----C--A-----G-----	1494
K31	.....GA-----C-----	1470
UG274	.....G-CA-G-----	1473
UG270	.....G-----C--G-----	1473
SE365	.....	1473
VI203	.....-G-A-----G-----	1470
CONSENSUS-F	.....gAGGgACTGtatcCTCCcTTAgCtTCCCTCAAATCA	1449
VI174	.....C-----	1461
VI69	.....C-----	1458
BZ162	.....C-----	1457
VI325	.....A--A--A-GG-T---T--A-----	1458
CONSENSUS-G	.....AAGGA?CTATAT??CCTTTA??TCCCTCAAATCA	1118
LBV217	.....G-----AC-----	1461
VI191	.....A-----CCT-----GT-----	1452
CONSENSUS-H	.....??GAA.....?CTCC?TTA?CTTCCCTCAAATCA	1341
VI525	.....AAG-----C---C---G-----	1470
VI557	.....GCA-----T---T---A-----	1467
CONSENSUS-O	...G??C?G?A?GAGCT?TA?...CC?TTTGCTCCCTCAAATCCCTCTTTGGGACAGACCAATAG	1341
ANT70	...-GC-C-A-C-----C--T...-G-----	1494
MVP5180	...-AT-A-G-A-----G--C...-A-----	1497
CONSENSUS-A	...?????aaggaacag??tcc?cCtTtAgtttCCcTCAAATCACTCTTTGGCAACGACCcCtTGTCA	1478
AD_K124	.....T-TA-----C---G-----	1476
AD_MAL	.....TT-TA-----C-----AG-----	1512
AD_CI32	.....G--TATA---T-----C-----	1476
AD_G141	...AAAGAC-----T-TA-----C-----	1458
AG_VI354	.....G-G-TA-----ACC-----	1464
AG_LBV105	.....T-TA---T--C--AC-----	1482
BF_BZ200	.....G-A-G--T-TAC--T--C---C-----G-----	1473
CONSENSUS-CPZ	.....?????CTA??CC?CC??????TCCCT?AAATC?CTCTTTGGCA??GACC??T?ATCC	995
CPZGAB	.....AGT---TAT--A--A...ACC-----C-----A-----GC---CC-C-----	1521
CPZANT	.....GAGGAA---...-T--CTCGTAT-----G-----C-----AA-----AA-G-	1569

## HIV1 GAG

CONSENSUS-A	CAG	1481
U455	---	1479
CONSENSUS-B	CaaTAA	1501
SF2	---	1506
LAI	---	1536
HXB2R	---	1500
MN	---	1518
JH31	-CC	1500
JRCSF	---	1512
JRFL	---	1494
OYI	---	1497
NY5CG	---	1500
NL43	---	1500
CDC41	---	1500
HAN	---	1497
CAM1	---	1500
RF	--G	1503
D31	---	1500
YU2	---	1500
BCSG3C	---	1500
P896	-----	1503
3202A12	-----	1503
3202A21	-----	1503
GAG46	--G	1500
MANC	-----	1503
GAG314	---	1503
WEAU160	-----	1503

## HIV1 GAG

CONSENSUS-D	CAA	1489
ELI	---	1500
Z2Z6	---	1503
NDK	---	1491
CONSENSUS-A	CAG	1481
AD_MAL	---	1515
CONSENSUS-CPZ	CAG	998
CPZGAB	---	1524



HIV1 GAG CONSENSUS

CONSENSUS-A	CACcTAggACttTgaAtGCATgGGTgAAaGtaaTAGAagAaAagGcTTTcAgcCcAGAAgTaatATACCCat	506
CONSENSUS-B	-----A-----A-----A-----g-----g-----	510
CONSENSUS-C	-----A-----c-----a-----g-----g-----g-----g-----g-----	501
CONSENSUS-D	-----a-----c-----a-----a-----g-----g-----g-----t-----	510
CONSENSUS-F	-----A-----A-----A-----g-----g-----g-----t-----	497
CONSENSUS-G	-----?-----A-----A-----A-----g-----g-----C-----T-----	471
CONSENSUS-H	-----C-----A-----A-----G-----?-----T-----?-----	463
CONSENSUS-O	-C--C--C--A--A--A--A--G--C--G--?--?--C--T--A--T--A--?--T--T--	457
CONSENSUS-CPZ	---?--A--C--?--?--?--A--?--?--?--G--?--?--?--?--?--?--?--?--?--?--?--?--	293
CONSENSUS-A	GTtctCaGcatTaTCAGAgGGaGcCACccCaCagAttTAAAtatgATGcTAAAcATAGTggggGGaCAC	576
CONSENSUS-B	---T-----A-----A-----A-----c-----C-----C-----C-----t-----	580
CONSENSUS-C	---TA-----A-----A-----C-----CC-----t-----T-----C-----t-----	571
CONSENSUS-D	---T-----A-----A-----c-----CC-----C-----C-----T-----	580
CONSENSUS-F	---t-----a-----g-----t-----c-----CC-----t-----C-----T-----	567
CONSENSUS-G	---T-----a-----a-----c-----C-----?-----C-----g-----T-----	540
CONSENSUS-H	---T-----A-----A-----G-----C-----?-----T-----?-----T-----?-----	529
CONSENSUS-O	---?ATG---?---?---?---?---?---CT-T---A---?---C?---?---TGCCA-A---?---?---	514
CONSENSUS-CPZ	---T---?---T---?---?---?---?---T---?---?---?---C---CC---?---?---TGC---?---?---?---	347
CONSENSUS-A	CAGGcAGCctATGCaaATGtTaaAagAtaCcAtcAATGagGAaGCTGCAGaaTgGGaCaGg?TACatCCAG	645
CONSENSUS-B	--a-----c-----g-----T-----At-----g-----	650
CONSENSUS-C	--A-----C-----G-----G-----T-----?t-----	640
CONSENSUS-D	--a-----c-----g-----t-----c-----	650
CONSENSUS-F	--a-----c-----c-----aT-----	637
CONSENSUS-G	--A-----c-----G-----t-----G-----A-----C-----	610
CONSENSUS-H	--A-----C-----?-----A-----T-----	596
CONSENSUS-O	--A-G?---T-A---G---?---G---AGTA-----A---?---?---T---AACT---?---C---	578
CONSENSUS-CPZ	--A-G---C---?---G---C---?---AGT?---?---?---?---G---T---?---T---?---?---CA---	408
CONSENSUS-A	TaCatGCAGGGCCtattcCaCagGcCagaTgAGaGAACCAaggGGaAGtGAcATAGCAGGaacTACTAG	715
CONSENSUS-B	-g-----g-----	720
CONSENSUS-C	-?-----g-----G-----A-----	709
CONSENSUS-D	-g-----G-----T-----	720
CONSENSUS-F	-G-g-----C-----a-g-----T-----t-----t-----	707
CONSENSUS-G	?-g-----A-----?-----T-----	678
CONSENSUS-H	-G-----?-----?-----T-----	664
CONSENSUS-O	C-?C??T?---GT-?---G---A---G---CA-----T---T---?---A-----	642
CONSENSUS-CPZ	CT-----?---?---?---A?---?---A---?---A---G---?---?---?---T-----G---?---?---	462
CONSENSUS-A	tAcCctTcaaGAacAAaTaggaTgGATgACaagc.....AatCCACctatCCCAGTgGGagAcATc	776
CONSENSUS-B	-----G-----aT-----a-----a-----	781
CONSENSUS-C	-----g-----c-----?T-----C-----T-----	769
CONSENSUS-D	-----G-----?-----.....A-----A-----	780
CONSENSUS-F	-----G-----ca-----c-----g-----a-----	768
CONSENSUS-G	-----?---G-----A-----C-----.....a-----t-----	738
CONSENSUS-H	-----G-----C-----?-----.....??-----	722
CONSENSUS-O	C-?AG---G---T???---CT---?---?.....???C?---C????---A-----	694
CONSENSUS-CPZ	C--A?G--G--?--?--?---?---?---?---CA?????????---?---?---?---?---A--G--?---?---	502
CONSENSUS-A	TATAaaAgaTggATAaTccTgGGatTAAATAAaATAGTaAGaATGTATAGcCCTggtTAGCATttTgGAca	846
CONSENSUS-B	-----acc-----c-----	851
CONSENSUS-C	-----T-----G-----C-----	839
CONSENSUS-D	-----c-----c-----	850
CONSENSUS-F	-----c-----a-----C-----	838
CONSENSUS-G	-----c-----c-----	808
CONSENSUS-H	-----?-----?-----C-----	790
CONSENSUS-O	---G--A-----G-G?--A--C---C---G---A-----C---?--A--G---C--A--T-	762
CONSENSUS-CPZ	---?---	552
CONSENSUS-A	TAAGaCAAgggCCaAAaGAaCCcTTcAgaGAcTATGTagAtAggTTCTtTAAaactcTcAGAGctgAgcA	916
CONSENSUS-B	-----a-----g-----T-----cc-----A-----A-----c-----	921
CONSENSUS-C	---a-----G-----T-----C-----T-----T-----A-----A---	909
CONSENSUS-D	---a-----A-----g-----T-----?C-----A-----A-----c-----	919
CONSENSUS-F	-----T-----C-----c-----A-----	908
CONSENSUS-G	-----?---	824
CONSENSUS-H	---?---	855
CONSENSUS-O	-T-?G--G--A---?---A---?---?---C---?---AC---AT--A-----	827
CONSENSUS-CPZ	?-?---?---?---?---?---G---?---T---G---?---A---A?---?---?---?---?---?---?---	609
CONSENSUS-A	agCTaCaCagGagGTAAAaacTggATGACaGAaACctTgcTggTCCAAAATGCgAATCCAGAcTGTAag	986
CONSENSUS-B	-----t-----t-----t-----c-----t-----	991
CONSENSUS-C	-----A--T-----t-----c-----T-----C-----T-----	979
CONSENSUS-D	---t-----t-----t-----?-----T-----C-----T-----a-----	988
CONSENSUS-F	---A---gggT-----C-----T-----C-----T-----	978
CONSENSUS-G	??	824
CONSENSUS-H	---?---	918
CONSENSUS-O	---T--A--A---?---T-----?---?---T--T---?---?---?---?---?---?---?---A---	889
CONSENSUS-CPZ	?---T---?---?---G---?---?---?---?---?---?---?---?---?---?---?---?---?---?---?---?---	660



